



Logiciel de gestion des collections de prélèvements biologiques

Manuel d'utilisation Version 2.0.10

Réf : Tumorotek manuel V2.1.doc		
Date : 10/03/2012		
Version : 2		
Nombre de pages : 124		
Création :	Auteurs :	M. BARTHELEMY, N. DUFAY, V. MONNET et P. VENTADOUR
	Date :	10/12/2011
Modification :	Auteur :	N. DUFAY
	Date :	10/01/2014

Sommaire

1. Introduction :	- 6 -
2. Accès et identification :	- 7 -
2.1. Accès :	- 7 -
2.2. Identification :	- 7 -
2.3. Choix de la plateforme et de la collection de travail :	- 8 -
3. Administration de Tumorotek :	- 9 -
3.1. Paramétrage d'une nouvelle base :	- 10 -
3.1.1. Gestion des collaborations :	- 11 -
3.1.1.1. Ajouter un établissement :	- 12 -
3.1.1.2. Modifier ou supprimer un établissement :	- 13 -
3.1.1.3. Ajouter un service :	- 13 -
3.1.1.4. Modifier ou supprimer un service :	- 14 -
3.1.1.5. Ajouter un collaborateur :	- 15 -
3.1.1.6. Modifier ou supprimer un collaborateur :	- 16 -
3.1.1.7. Rechercher un collaborateur / service / établissement :	- 16 -
3.1.2. Gestion des collections :	- 17 -
3.1.2.1. Ajouter une collection :	- 17 -
3.1.2.2. Assigner un conteneur (Nouveauté V2) :	- 18 -
3.1.2.3. Assigner une codification (Nouveauté V2) :	- 18 -
3.1.2.4. Assigner une couleur au stockage (Nouveauté V2) :	- 19 -
3.1.2.5. Modifier ou supprimer une collection :	- 19 -
3.1.3. Gestion des conteneurs : Voir le Menu stockage (chapitre 4.7).	- 20 -
3.1.4. Gestion des profils :	- 21 -
3.1.4.1. Créer un profil :	- 21 -
3.1.4.2. Modifier ou supprimer un profil :	- 22 -
3.1.5. Gestion des comptes :	- 23 -
3.1.5.1. Créer un compte :	- 24 -
3.1.5.2. Affectation des imprimantes et des modèles d'étiquettes à un utilisateur...	- 25 -
3.1.5.3. Modifier ou supprimer un compte :	- 26 -
3.2. Paramétrages optionnels :	- 27 -
3.2.1. Gestion des annotations :	- 27 -
3.2.1.1. Créer une table d'annotation :	- 27 -
3.2.1.2. Modifier des tables d'annotations :	- 30 -
3.2.1.3. Supprimer des tables d'annotations :	- 31 -
3.2.2. Menu Codification (Nouveauté V2) :	- 32 -
3.2.3. Menu Contrats (Nouveauté V2) :	- 33 -
3.2.3.1. Créer un contrat :	- 33 -
3.2.3.2. Modifier ou supprimer un contrat :	- 35 -
3.2.3.1. Consulter un contrat :	- 35 -
3.2.4. Gestion des formats des boîtes :	- 36 -
3.2.4.1. Ajouter un format de boîte :	- 36 -
3.2.4.1.1. Création d'une boîte rectangulaire :	- 36 -
3.2.4.1.2. Création d'une boîte complexe :	- 39 -

3.2.4.2.	Modifier ou supprimer un format de boîte :	- 41 -
3.2.5.	Gestion de la numérotation automatique :	- 42 -
3.2.5.1.	Créer une numérotation automatique :	- 43 -
3.2.5.2.	Modifier ou supprimer une numérotation automatique :	- 43 -
3.2.6.	Menu Plateforme (Nouveauté V2):	- 45 -
3.2.6.1.	Modifier une plateforme :	- 45 -
3.2.7.	Gestion des thésaurus du système :	- 47 -
3.2.7.1.	Ajouter une valeur à un thesaurus :	- 47 -
3.2.7.2.	Modifier ou supprimer une valeur :	- 48 -
3.2.8.	Gestion des transporteurs :	- 49 -
3.2.8.1.	Ajouter un transporteur :	- 49 -
3.2.8.2.	Modifier ou supprimer un transporteur :	- 51 -
3.3.	Les Outils	- 52 -
3.3.1.	Menu Historique	- 52 -
3.3.1.1.	Rechercher les historiques :	- 52 -
3.3.1.2.	Exporter les historiques :	- 53 -
3.3.2.	Menu Import	- 54 -
3.3.2.1.	Description du modèle d'import :	- 54 -
3.3.2.1.1.	Les entités à importer :	- 54 -
3.3.2.1.2.	Les colonnes du fichier Excel du modèle d'import :	- 55 -
3.3.2.2.	Description du fichier d'import :	- 56 -
3.3.2.2.1.	Format du fichier :	- 56 -
3.3.2.2.2.	Formatage des données :	- 56 -
3.3.2.3.	Procédure d'import :	- 56 -
3.3.2.3.1.	Import contenant des erreurs :	- 56 -
3.3.2.3.2.	Import valide :	- 57 -
3.3.3.	Gestion des impressions :	- 58 -
3.3.3.1.	Ajouter un modèle d'impression :	- 58 -
3.3.3.2.	Modifier des tableaux des blocs d'impression :	- 60 -
3.3.3.3.	Supprimer les modèles d'impression :	- 60 -
3.3.4.	Menu Imprimantes	- 61 -
3.3.4.1.	Ajouter une imprimante :	- 61 -
3.3.4.2.	Ajouter un modèle d'étiquette :	- 62 -
3.3.4.2.1.	Ajouter un modèle pré-défini :	- 62 -
3.3.4.2.2.	Ajouter un modèle paramétrable (nouveauté V2):	- 63 -
3.3.4.2.2.1.	Définir une ligne contenant du texte :	- 64 -
3.3.4.2.2.2.	Définir une ligne contenant un code-barres :	- 65 -
3.3.4.3.	Modifier ou supprimer une imprimante :	- 66 -
3.3.4.4.	Modifier ou supprimer un modèle d'étiquette :	- 66 -
3.3.5.	Menu Outils (fusion de patients) :	- 67 -
3.3.6.	Menu Statistiques :	- 68 -
4.	Utilisation de TumoroteK au quotidien :	- 69 -
4.1.	Menu accueil :	- 70 -
4.2.	Menu patient :	- 71 -
4.2.1.	Ajouter un patient :	- 71 -
4.2.2.	Consulter / modifier / supprimer un patient :	- 74 -

4.2.3.	Créer/modifier une maladie (Nouveauté V2).....	- 75 -
4.2.4.	Créer un nouveau prélèvement pour ce patient :.....	- 75 -
4.2.5.	Imprimer la fiche patient :.....	- 76 -
4.2.6.	Rechercher un patient :.....	- 77 -
4.3.	Menu prélèvement :.....	- 78 -
4.3.1.	Créer un prélèvement :.....	- 78 -
4.3.1.1.	Page « Prélèvement » :.....	- 79 -
4.3.1.2.	Page « Analyse et conditionnement » :.....	- 81 -
4.3.1.3.	Page « Stockage » :.....	- 83 -
4.3.2.	Consulter / Modifier / Supprimer un prélèvement :.....	- 86 -
4.3.3.	Imprimer la fiche prélèvement :.....	- 88 -
4.3.4.	Changer un prélèvement de collection :.....	- 89 -
4.3.5.	Changer un prélèvement de maladie (nouveauté V2.0.9) :.....	- 89 -
4.3.6.	Rechercher un prélèvement :.....	- 89 -
4.4.	Menu échantillon :.....	- 90 -
4.4.1.	Ajouter un/des échantillon(s) :.....	- 91 -
4.4.2.	Consulter / Modifier / Supprimer un échantillon :.....	- 91 -
4.4.3.	Traçabilité des évènements du système de stockage (Nouveauté V2.0.9) :.....	- 92 -
4.4.4.	Imprimer les fiches échantillons :.....	- 93 -
4.4.4.1.	Imprimer la fiche échantillon :.....	- 93 -
4.4.4.2.	Imprimer la fiche INCa échantillon (Nouveauté V2):.....	- 94 -
4.4.5.	Rechercher un échantillon :.....	- 96 -
4.5.	Menu dérivés :.....	- 97 -
4.5.1.	Ajouter un/des dérivé(s) :.....	- 97 -
4.5.2.	Consulter / Modifier / Supprimer un dérivé :.....	- 100 -
4.5.3.	Modifier simultanément plusieurs dérivés:.....	- 101 -
4.5.4.	Rechercher un dérivé :.....	- 101 -
4.6.	Menu cession :.....	- 102 -
4.6.1.	Ajouter une cession :.....	- 103 -
4.6.2.	Consulter / Modifier / Supprimer une cession :.....	- 106 -
4.6.3.	Rechercher une cession :.....	- 106 -
4.7.	Menu stockage :.....	- 107 -
4.7.1.	Ajouter un conteneur :.....	- 108 -
4.7.2.	Ajouter un incident de stockage (Nouveauté V2)°.....	- 111 -
4.7.3.	Modifier un niveau du conteneur :.....	- 111 -
4.7.4.	Déplacer une boîte :.....	- 113 -
4.7.5.	Déplacer un ou plusieurs échantillons :.....	- 114 -
4.7.6.	Déplacer une enceinte (Nouveauté V2) :.....	- 114 -
4.7.7.	Modifier ou supprimer un conteneur :.....	- 115 -
4.8.	Menu recherche :.....	- 115 -
5.	Les interfaces de recherche de Tumorotek :.....	- 116 -

5.1. Recherche rapide :	- 116 -
5.2. Recherche avancée (correspond à la Recherche de la version 1):	- 117 -
5.3. Recherche multicritère (Onglet Recherche) (Nouveauté V2):	- 121 -
5.3.1. Description	- 121 -
5.3.2. L’Affichage	- 121 -
5.3.3. La requête	- 122 -
5.3.4. La recherche	- 123 -
5.3.5. L’exécution d’une recherche	- 123 -
5.3.6. Exemple d’une recherche : Extraction de tous les patients de TK pour détecter les doublons	- 124 -
6. Les utilisations du lien « Actions » :	- 125 -
6.1. Modifications multiples (Nouveauté V2) :	- 126 -
6.2. Exporter des données :	- 126 -
6.3. Imprimer une fiche :	- 127 -
6.4. Accéder à l’historique :	- 127 -
6.5. Imprimer des étiquettes :	- 128 -
6.6. Stocker des échantillons ou des dérivés :	- 128 -
6.7. Ajouter à une nouvelle cession :	- 128 -
6.8. Changer de collection :	- 129 -
6.9. Imprimer la fiche INCa (Nouveauté V2) :	- 129 -
6.10. Sorties temporaires (Nouveauté V2) :	- 129 -
6.11. Imprimer l’accord de transfert INCa (Nouveauté V2) :	- 130 -
6.12. Exporter les données des échantillons ou des dérivés d’une cession (Nouveauté V2) :	- 133 -
7. Module de codage	- 133 -
7.1. Consulter les codes	- 133 -
7.2. Sélectionner les codes	- 134 -
7.3. Créer et organiser une codification utilisateur	- 134 -
7.4. Gestion des codes « favoris »	- 136 -
7.5. Transcodage automatique appliqué à une collection	- 136 -
8. Générer des statistiques :	- 137 -
8.1. Bilan d’activité (Statistique sur l’activité et les flux) :	- 137 -
8.2. Recensement des prélèvements cryoconservés :	- 139 -

1.Introduction :

Le logiciel **TumoroteK®** est un outil de gestion des collections de prélèvements biologiques. Il regroupe les fonctionnalités suivantes :

- La prise en charge des prélèvements :
 - Informations à la réception :
 - Informations sur le patient et la maladie
 - Informations sur le prélèvement
 - Informations sur les échantillons
 - Rangement et gestion du stock
 - Gestion des produits dérivés
 - Gestion des cessions d'échantillons
- La gestion des annotations patient / prélèvement / échantillons / dérivés /cessions personnalisables par collection
- L'interrogation sur critères multiples :
 - Informations patients
 - Informations prélèvements
 - Annotations patient / prélèvement / échantillons
 - Informations échantillons ou produits dérivés
- La réalisation de rapports
- La communication avec d'autres systèmes :
 - Import des identités des patients depuis le système d'information hospitalier (SIH)
 - Import depuis fichiers Excel
 - Import depuis Systèmes de Gestion de Laboratoire DIAMIC et APIX
 - Export vers catalogue INCa et cancéropole Grand Sud-Ouest
- L'administration du logiciel :
 - Gestion des comptes et des habilitations
 - Paramétrage des collaborations
 - Gestion des structures de stockage
 - Gestion des collections et des plateformes
 - Paramétrage des annotations par collection
 - Historique de l'activité par collection
 - Impression d'étiquettes code barres

On peut aisément gérer plusieurs collections avec le même outil et donc avoir une meilleure visibilité sur le suivi des prélèvements d'un patient donné.

TumoroteK® est construit autour d'une architecture dite 3-tiers, du type application Web. Elle se compose d'un serveur Web, d'un serveur d'application et d'un système de gestion de bases de données. Il fonctionne donc avec un simple navigateur Web.

Enfin la sécurité est un point important du logiciel, avec des procédures de contrôles à différents niveaux.

L'équipe projet **TumoroteK**.

2. Accès et identification :

2.1. Accès :

TumoroteK® est une application de type Web. On accède au système sur l'Intranet du site via un navigateur Web :

- Internet Explorer 8 et plus (mise à jour sur <http://www.microsoft.com/downloads/>).
- Mozilla 3 et plus (www.mozilla.org/products/firefox/)

Remarque : Le fonctionnement du logiciel est optimisé pour Mozilla Firefox.

❖ Pour accéder au système, saisissez l'adresse d'accès fournie par votre service informatique dans la barre d'adresse de votre navigateur, puis validez.

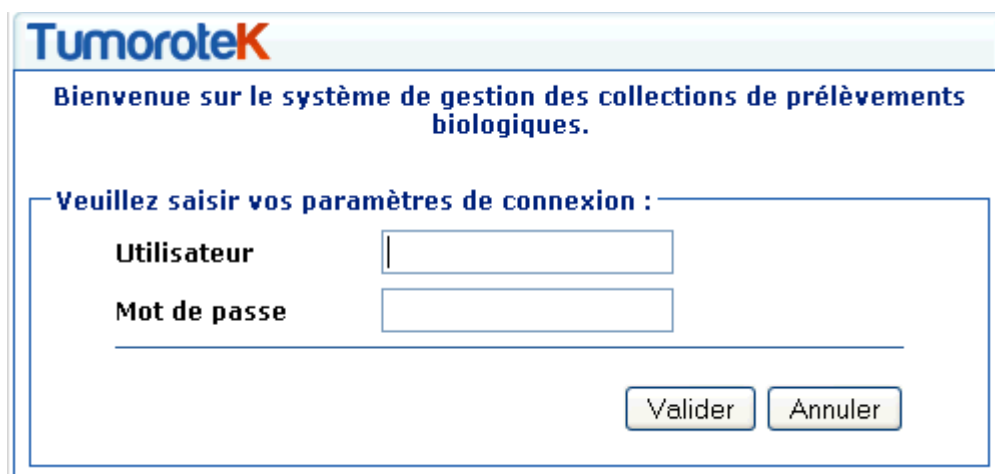
Astuce : Ajoutez l'adresse précédente dans vos favoris Internet.

2.2. Identification :

A chaque tentative de connexion, **TumoroteK®** vous demande de saisir vos paramètres d'identification :


- Utilisateur.
- Mot de passe.

Ces derniers vous ont été transmis par le gestionnaire de votre plateforme ou de votre collection, lui seul est habilité à créer des comptes.



❖ Saisissez vos paramètres puis cliquez sur « Valider » (ou tapez « Enter » sur le clavier).

❖ En cas de nom utilisateur et/ou de mot de passe erroné, le message « Utilisateur ou mot de passe incorrect » apparaît.

Attention, pour quitter l'application, utilisez le lien  **Déconnecter**.

Ne pas fermer le navigateur avant la déconnexion sinon vous devrez attendre le délai de reconnexion (10 min. par défaut) avant de pouvoir à nouveau accéder à TK.

2.3. Choix de la plateforme et de la collection de travail :

L'écran suivant vous propose de choisir la **plateforme** puis la collection sur laquelle vous voulez travailler.



TumoroteK
Bienvenue sur le système de gestion des collections de
prélèvements biologiques.

Dernière connexion: 12 août 2013 14:13:35


Veuillez choisir votre **plateforme** de travail :

IMMUNOBIOTEQUE ▼

Veuillez choisir votre **collection** de travail :

Autoimmunité - mici ▼

 Déconnecter  Valider

- ❖ Choisissez votre **plateforme** puis votre collection de travail puis cliquez sur  « Valider ».
- ❖ Si vous souhaitez travailler sur l'ensemble de vos collections, choisissez « toutes collections » en fin de liste.
- ❖ **Attention**, cette page ne s'affiche pas :
 - au démarrage de la base car aucune collection n'est paramétrée,
 - si une seule collection est paramétrée.

3.Administration de TumoroteK :

Le menu « ADMINISTRATION » regroupe les fonctions relatives à la gestion des paramètres du système. A partir de cet écran plusieurs fonctionnalités sont disponibles :

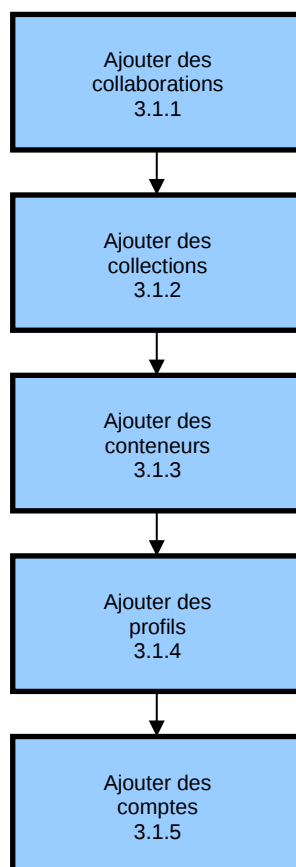
L'accès à la gestion du système n'est possible qu'aux personnes qui disposent de suffisamment de droits (voir la section concernant les profils).

- Gestion des **annotations**
 - o Liste des annotations par entité
 - o Création, modification ou suppression d'annotations
- Gestion de la **codification** (codes maladie, organes ou lésionnels)
- Gestion des **collaborations** (établissements, services, collaborateurs)
 - o Liste des collaborations
 - o Ajout, modification ou suppression de collaborations
- Gestion des **collections**
 - o Liste des collections
 - o Ajout, modification ou suppression de collections
- Gestion des **comptes**
 - o Liste des différents utilisateurs du système
 - o Ajout, modification ou suppression de comptes utilisateurs
- Gestion des **contrats**
 - o Liste des contrats
 - o Ajout, modification ou suppression de contrats
- Gestion des **formats des boîtes**
 - o Liste des formats des boîtes
 - o Ajout, modification ou suppression de formats des boîtes
- Gestion des **historiques**
- Gestion des **imports**
- Gestion des **impressions d'étiquettes**
 - o Liste des modèles d'impression
 - o Ajout, modification ou suppression de modèles d'impression
- Gestion des **imprimantes**
- Gestion de la **numérotation des prélèvements/échantillons**
 - o Liste des numérotations automatiques
 - o Ajout, modification ou suppression de numérotations automatiques
- Gestion des **outils**
- Gestion des **plateformes**
- Gestion des **profils** d'accès à TK
 - o Liste des différents profils d'utilisation du système
 - o Ajout, modification ou suppression de profils
- Gestion des **statistiques**
- Gestion des **thésaurus**
 - o Modification des thésaurus de l'application
- Gestion des **transporteurs**
 - o Liste des transporteurs
 - o Ajout, modification ou suppression de transporteurs

Annotations
Codifications
Collaborations
Collections
Comptes
Contrats
Formats des boîtes
Historique
Imports
Impression
Imprimantes
Numérotation
Outils
Plateformes
Profils
Statistiques
Thésaurus
Transporteurs

3.1. Paramétrage d'une nouvelle base :

Cette partie vous explique comment paramétrer le système. **L'ordre suivant n'a pas été choisi au hasard. En effet, certains menus utilisent les informations contenues dans d'autres, il est donc nécessaire de suivre l'ordre ci desous pour le paramétrage.**



Paramétrages optionnels

Gestion des
annotations
3.2.1

Gestion des
codifications
3.2.2

Gestion des
contrats
3.2.3

Gestion des formats
des boîtes
3.2.4

Gestion des
numérotations
3.2.5

Gestion des
plateformes
3.2.6

Gestion des
thésaurus
3.2.7

Gestion des
transporteurs
3.2.8

Outils

Menu Historiques
3.3.1

Menu Imports
3.3.2

Menu Impressions
3.3.3

Menu Imprimantes
3.3.4

Menu Outils (fusion de
patients)
3.3.5

Menu Statistiques
3.3.6

3.1.1. Gestion des collaborations :

❖ Cliquez sur l'onglet « Collaboration » pour accéder au menu.

Nouveautés V2 :


- les établissements / services / collaborateurs sont désormais gérés par arborescence,
- les collaborateurs peuvent appartenir à plusieurs services,
- les collaborateurs peuvent être isolés c'est-à-dire non reliés à un service ou un établissement (cas des médecins de ville),
- il existe un contrôle de doublon sur les établissements (nom, n° FINESS) / services (nom, établissement) / collaborateurs (nom, prénom, spécialité),
- une recherche rapide permet d'accéder rapidement aux établissements / services / collaborateurs,
- Il est possible d'inactiver un établissement ou un service.

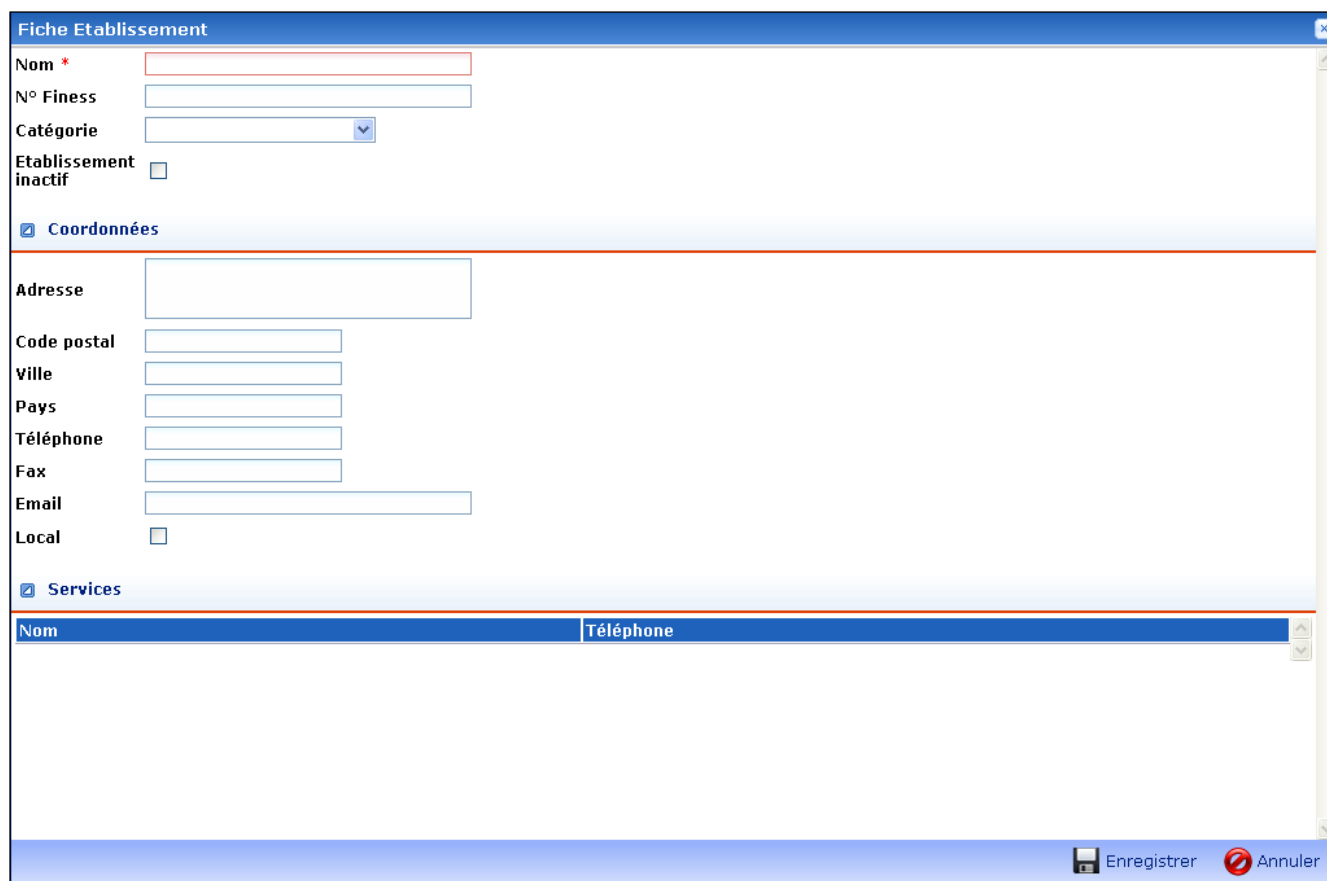
The screenshot displays the Tumorotek V2.0.10 interface. On the left, the 'Recherche rapide' window shows a list of establishments and services, with a search bar and a 'Création' button. On the right, the 'Fiche Etablissement' window shows details for '69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE', including its address, contact information, and a list of services. Numbered callouts 1 through 4 highlight specific features: 1 points to the 'Création' button, 2 points to the 'Supprimer' button, 3 points to the search bar, and 4 points to the 'Collaborateur' button.

Ce menu contient la liste des établissements / services / collaborateurs enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- ① Ajouter un nouvel établissement / service / collaborateur en cliquant sur le lien « Création ».
- ② Accéder et modifier ou supprimer un établissement / service / collaborateur en cliquant sur son nom dans la liste.
- ③ Rechercher un établissement / service / collaborateur en cliquant sur la flèche à droite de recherche rapide ()
- ④ Accéder aux collaborateurs isolés

3.1.1.1. Ajouter un établissement :

❖ Cliquez sur «  Création ». puis « Nouvel établissement »






❖ Complétez les informations.

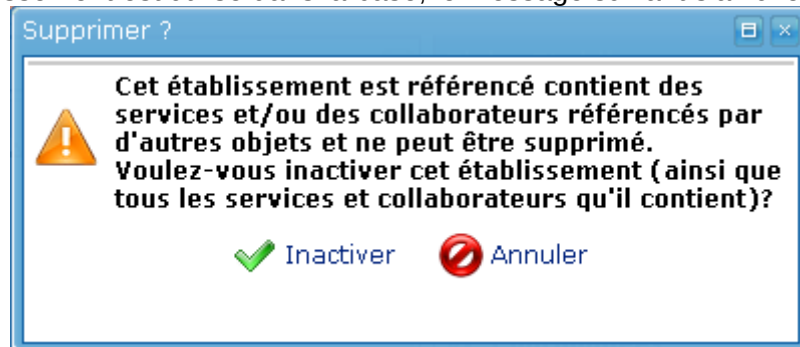
Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom de l'établissement	Texte
N°Finess (Nouveauté V2)	N°Finess de l'établissement	Texte
Catégorie	Catégorie de l'établissement	Thésaurus modifiable : Hôpital Clinique Cabinet médical Laboratoire de recherche
Etablissement inactif	Rendre l'établissement non accessible à la saisie	Case cochée ou décochée
Adresse	Adresse de l'établissement	Texte
Code postal	Code postal de l'établissement	Texte
Ville	Ville où est localisé l'établissement	Texte
Pays	Pays où est localisé l'établissement	Texte
Téléphone	Téléphone de l'établissement	Texte
Fax	Fax de l'établissement	Texte
Email	Email de l'établissement	Texte
Local	Défini si l'établissement utilise le logiciel	Case cochée ou décochée

❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider l'ensemble des informations.

3.1.1.2. Modifier ou supprimer un établissement :


- ❖ Cliquez sur le nom de l'établissement dans le menu « Collaborations ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un établissement.
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.
- ❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer un établissement.

Attention : Si l'établissement est utilisé dans la base, le message suivant s'affichera :



La suppression sera impossible, seule l'inactivation sera envisageable.

3.1.1.3. Ajouter un service :

- ❖ Cliquez sur «  Création » puis « Nouveau service »

Fiche Service

Etablissement

69 : HÔPITAL CARDIOLOGIQUE

Nom *

Service inactif

☐

☒ Coordonnées

Adresse

Code postal

Ville

BRON

Pays

Téléphone

Fax

Email

☒ Collaborateurs

Ajout de collaborateurs

Nom

Ajout d'un collaborateur existant

Nom	Prénom	<div></div> Spécialité	Collaborateur inactif



Enregistrer

Annuler




- ❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Etablissement	Nom de l'établissement	Etablissements enregistrés
Nom *	Nom du service	Texte
Service inactif	Rendre le service inaccessible à la saisie	Case cochée ou décochée

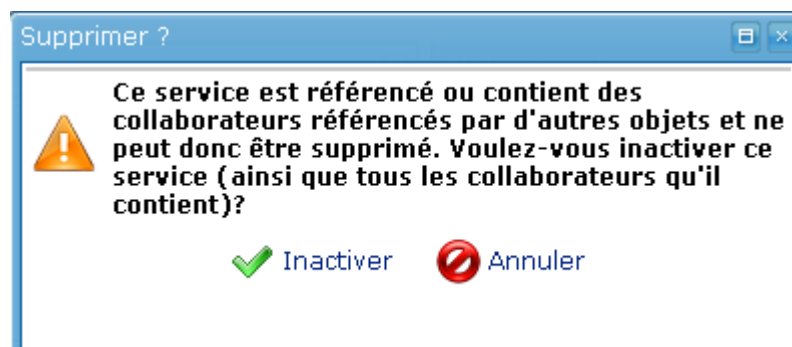
Remarque : les coordonnées de l'établissement sont automatiquement renseignées mais sont modifiables.

- ❖ Pour rajouter un collaborateur existant au service, saisir son nom dans le champ « collaborateur » puis cliquez sur « Ajout d'un collaborateur existant ».
- ❖ Les coordonnées du collaborateur apparaissent dans le tableau des collaborateurs du service.
- ❖ Cliquez sur  pour supprimer le collaborateur.
- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider l'ensemble des informations

3.1.1.4. Modifier ou supprimer un service :


- ❖ Cliquez sur le nom du service dans le menu « Collaborations ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un service.
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.
- ❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer un service.

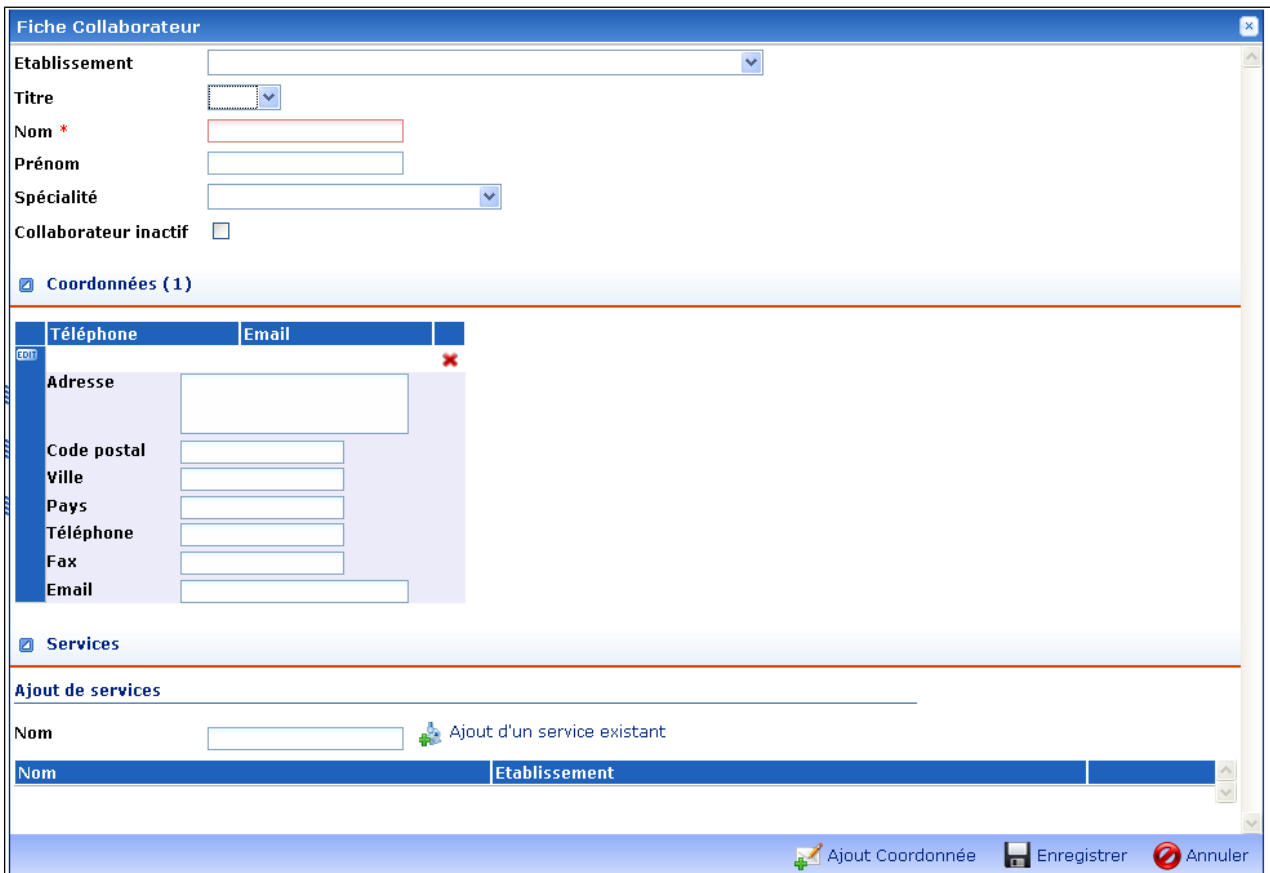
Attention : Si le service est utilisé dans la base, le message suivant s'affichera :



La suppression sera impossible, seule l'inactivation sera envisageable.

3.1.1.5. Ajouter un collaborateur :

❖ Cliquez sur «  Création » puis « Nouveau Collaborateur »



Fiche Collaborateur

Etablissement

Titre

Nom *

Prénom

Spécialité


Collaborateur inactif ☐

☒ Coordonnées (1)

Téléphone	Email
<div> <div>EDIT</div> <div> <div>Adresse</div> <div>Code postal</div> <div>Ville</div> <div>Pays</div> <div>Téléphone</div> <div>Fax</div> <div>Email</div> </div> </div>	

☒ Services

Ajout de services

Nom  Ajout d'un service existant

Nom	Etablissement

Ajout Coordonnée Enregistrer Annuler



❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Etablissement	Nom de l'établissement	Etablissements enregistrés
Titre	Titre du collaborateur	Pr. Dr. Mlle. Mme. M.
Nom *	Nom du collaborateur	Texte
Prénom	Prénom du collaborateur	Texte
Spécialité	Spécialité du collaborateur	Thésaurus
Collaborateur inactif	Rendre le collaborateur inactif	Case cochée ou décochée


Remarques :

- Les coordonnées de l'établissement sont automatiquement renseignées mais sont modifiables
- Il est possible de saisir plusieurs coordonnées pour un collaborateur en cliquant sur « Ajout coordonnées ».



❖ Pour rajouter le nouveau collaborateur à un service existant, saisir le nom du service dans le champ « service » puis cliquez sur « Ajout d'un service existant ».

- ❖ Le nom du service et de l'établissement apparaissent dans le tableau.
- ❖ Cliquez sur  pour supprimer le service.
- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider l'ensemble des informations

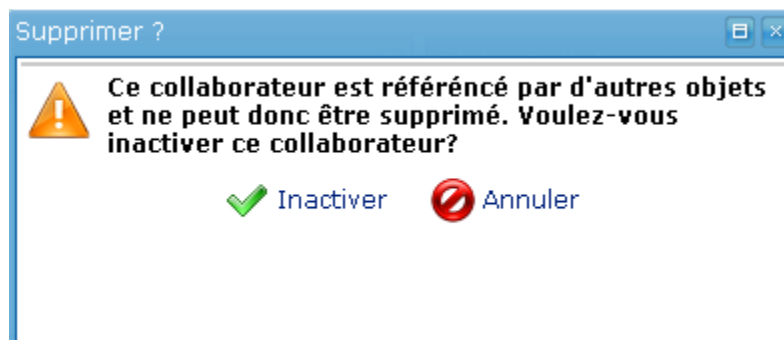
3.1.1.6. Modifier ou supprimer un collaborateur :

- ❖ Cliquez sur le nom du collaborateur dans le menu « Collaborations ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un collaborateur.

Remarque : Cas d'un collaborateur appartenant à plusieurs services (**Nouveauté V2**)

- ❖ Saisir le service puis cliquer sur le lien « rajout d'un service existant ».
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.
- ❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer un collaborateur.

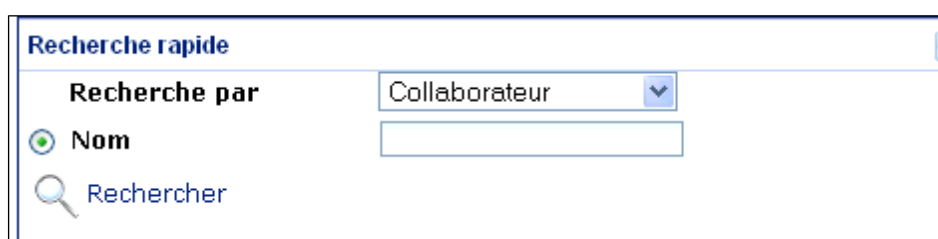
Attention : Si le collaborateur est utilisé dans la base, le message suivant s'affichera :



La suppression sera impossible, seule l'inactivation sera envisageable.

3.1.1.7. Rechercher un collaborateur / service / établissement

- ❖ Cliquez sur la flèche à droite de recherche rapide




Vous pouvez rechercher un collaborateur, un service ou un établissement.

❖ Cliquez sur «  Rechercher »

3.1.2. Gestion des collections :

❖ Cliquez sur « Collections » pour accéder au menu.

Nom	Gestionnaire	Responsable
Autisme	NEUROPSYCHOLOGIE DE L'ACTION	SIRIGU
Démences	NEUROLOGIE C (U401-U402)	KROLAK-SALMON
Diabète (R2D2)	HOPITAL DE JOUR CARDIOLOGIE (PR OVIZE)	DERUMEUX
Epilepsie	NEUROCHIRURGIE A (U300-U400)	GUENOT
Ischémie cérébrale	NEUROLOGIE B (U201-U202)	NIGHOGHOSSIAN
Maladies Pulmonaires Rares	UNITÉ 91 : PNEUMOLOGIE (PR CORDIER)	COTTIN
Mopsy	LABORATOIRE DE BIOCHIMIE	DUFAY
Myasthénie ②	EMG	VIAL
Myologie	NEUROPATHOLOGIE	STREICHENBERGER
Nerf	NEUROPATHOLOGIE	STREICHENBERGER
Neuropathies dysimmunes	EMG	VIAL
ORALISENS	CENTRE D'INVESTIGATION CLINIQUE	VIGOUROUX
Pat. NeuroDégénératives Mouv.	NEUROLOGIE C (U401-U402)	BROUSSOLLE
Pathologies NeuroPédiatriques	HFME : NEUROPEDIATRIE	DES PORTES
Schizophrénie	SERVICE DU PR DALERY	D'AMATO
Sclérose en plaques	NEUROLOGIE A (U101-U102)	CONFAVREUX
STEMI	UNITÉ 51 : SOINS INTENSIFS (PR BONNEFOY)	BONNEFOY-CUDRAZ
Synd Neuro Paraneoplasiques	NEUROLOGIE B (U201-U202)	HONNORAT

①  Nouveau

Ce menu contient la liste des collections enregistrées dans votre plateforme. Vous pouvez :

- ① Ajouter une nouvelle collection en cliquant sur « Nouveau».
- ② Consulter ou modifier une collection en cliquant sur son nom dans la liste.

3.1.2.1. Ajouter une collection :

❖ Cliquez sur « Nouveau »

Fiche Collection

Nom *

Identification

Description

Gestionnaire

Responsable

Contact

Niveau Maladie ☒

Libelle défaut

Prélèvements accessibles aux autres collections partageant les patients ☐

Contexte et catalogues

Contexte *

Catalogues associés

Conteneurs accessibles (0)

Assigner un conteneur

Codifications (0)

Couleurs assignées au stockage

Echantillon

Types

Assigner une couleur à un type

Enregistrer

Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom de la collection	Texte
Identification	Code de la collection	Texte
Description	Faire une brève description de la collection	Texte
Propriétaire	Service de la personne responsable de la collection	Services enregistrés
Responsable	Nom de la personne responsable de la collection	Collaborateurs enregistrés dans le système
Service gestionnaire	Service d'origine des prélèvements	Services enregistrés
Contact (Nouveauté V2)	Nom de la personne qui sera contacté pour une demande d'échantillons (champs INCa)	Collaborateurs enregistrés
Niveau Maladie (Nouveauté V2)	Avoir un niveau maladie pour la collection	Case cochée ou décochée
Libellé défaut (Nouveauté V2)	Libellé de la maladie par défaut	Texte
Prélèvements accessibles aux autres collections partageant les patients (Nouveauté V2)	Autoriser la consultation des prélèvements de la collection aux autres collections en cas de patient commun	Case cochée ou décochée
Contexte (Nouveauté V2) *	Contexte de la collection (en cours de développement)	Thésaurus
Catalogue associé (Nouveauté V2)	Permet d'associer les thesaurus INCa en sélectionnant le contexte anatomopathologie	Case à cocher




3.1.2.2. Assigner un conteneur (**Nouveauté V2**) :

Permet de définir le ou les conteneurs utilisables pour stocker les échantillons de la collection :

❖ Cliquez sur «  Assigner un conteneur ».

☒ **Conteneurs accessibles (0)**

congélateur 1 - 20

❖ Choisissez dans le Thésaurus le ou les conteneurs où seront stockés les échantillons et les dérivés de la collection.

❖ Cliquez sur «  » à droite de la ligne pour valider.


3.1.2.3. Assigner une codification (**Nouveauté V2**) :

Permet de définir les codifications associées à la collection ainsi que les préférences d'exportation de codes :

❖ Cliquez sur «  Assigner une codification ».




☒ **Codifications (0)**

ADICAP



- export:

Code

- ❖ Choisissez dans le thésaurus la codification utilisée par la collection puis le champ qui sera exporté (code ou libellé) :

ADICAP
CIM_MASTER
CIMO_MORPHO
UTILISATEUR

= code lésionnel et organe ADICAP
 = code maladie CIM10
 = code lésionnel et organe CIMO
 = code créé par l'utilisateur (voir chapitre « collaboration »)

- ❖ Cliquez sur «  » pour valider.




Important : pour activer le transcodage, sélectionner tous les codes à transcoder (généralement ADICAP, CIMO et CIM 10).

3.1.2.4. Assigner une couleur au stockage (**Nouveauté V2**) :

Permet de visualiser les types d'échantillons ou de dérivés par couleur dans les boîtes.

- ❖ Cliquez sur le lien «  Assigner une couleur à un type ».



Couleurs assignées au stockage	
Echantillon	<input type="text"/>
Types	CELLULES <input type="text"/> VERT <input type="text"/>  
Produit dérivé	<input type="text"/>
Types	 Assigner une couleur à un type


- ❖ Choisissez la couleur de l'échantillon ou associez une couleur par type d'échantillon puis cliquez sur «  » pour valider
- ❖ Choisissez la couleur du dérivé ou associez une couleur par type de dérivé puis cliquez sur «  » pour valider
- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider l'ensemble des informations concernant la collection.

Types	PLASMA	
	SANG TOTAL	
	SERUM	

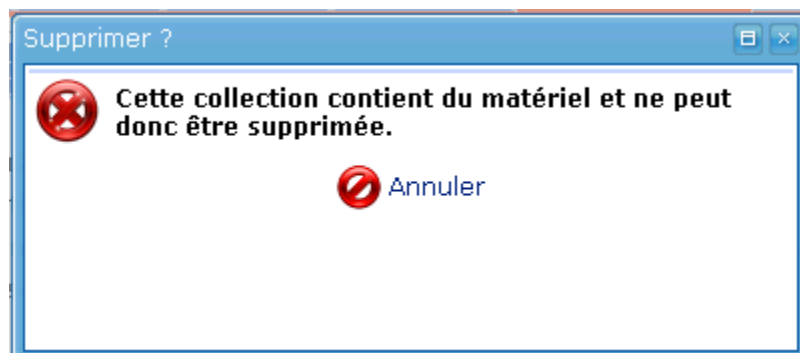
Remarque : Une nouvelle collection est par défaut rattachée à la plateforme dans laquelle se trouve l'administrateur qui la crée et il n'est actuellement pas possible de changer une collection de plateforme.

3.1.2.5. Modifier ou supprimer une collection :

- ❖ Cliquez sur le nom de la collection dans le menu « Collections ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier une collection.
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.

❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer une collection.

Attention : Si la collection contient des prélèvements, échantillons ou des dérivés, le message suivant s'affichera :



La suppression sera impossible.

Remarques :

- Pour visualiser les utilisateurs de la collection ainsi que les profils d'accès, ouvrez la partie « **utilisateurs** ».

▲ Utilisateurs	
<i>blochet</i>	technicien + mod multiple + cession + export nom
<i>boumendil</i>	technicien
dufay	responsable biothèque
fiard	technicien + mod multiple + cession + export nom
habbessi	technicien + stockage + cession + export+mod multiple
<i>monnet</i>	technicien
pereira	Technicien + mod multiples
<i>volle</i>	responsable collection

- Pour réorganiser les annotations, cliquez sur « **Tables d'annotations associées** » et utilisez les flèches :

▲ Tables d'annotations associées							
Patient		Prélèvement		Echantillon		Produit dérivé	
Annotations patient TUM	▲ ▼	Biomarqueurs gliomes	▲ ▼	A EC		▲ ▼	
				INCa-Echantillon		▲ ▼	
INCa-Patient	▲ ▼	INCa-Prélèvement	▲ ▼	Historique annotations		▲ ▼	
Consentement	▲ ▼	Sérologies	▲ ▼				
		Traitement du patient	▲ ▼				
		Commentaire prélèvement	▲ ▼				

3.1.3. Gestion des conteneurs : Voir le Menu stockage (chapitre 4.7)

3.1.4. Gestion des profils :

❖ Cliquez sur « Profils » pour accéder au menu

Liste des profils

Nom
Administrateur général
attaché biothèque
Attaché biothèque + cession
chercheur
consultation des patients
médecin ARC
responsable biothèque
responsable collection
technicien
technicien + mod multiple + cession + export nom
Technicien + mod multiple + export nom
Technicien + mod multiples
technicien + mod stockage + cession

Fiche Profil

Nom: Administrateur général
 Anonymisation: Non
 Accès à l'administration: Oui

☒ Droits sur les différents objets

	Consultation	Création	Modification	Suppression	Modif. multip	Annotation
Patient	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Prélèvement	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Echantillon	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Produit dérivé	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Cession	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>
Stockage	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		
Collaboration	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		
Recherche	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>		

Import: Non

Actions: Nouveau (1), Modifier (2), Supprimer (3)

Ce menu contient la liste des profils enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- ① Ajouter un nouveau profil en cliquant sur « Nouveau ».
- ② Modifier un profil en cliquant sur son nom dans la liste puis sur « Modifier ».
- ③ Supprimer un profil non utilisé.

3.1.4.1. Créer un profil :

❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu « Profils »

Fiche Profil

Nom * :

Anonymisation: ☐
 Accès à l'administration: ☐

☒ Droits sur les différents objets

	Consultation	Création	Modification	Suppression	Modif. multip	Annotation
Patient	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Prélèvement	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Echantillon	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Produit dérivé	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Cession	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>
Stockage	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		
Collaboration	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		
Recherche	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		

Cocher tous - Décocher tous

Import: ☐ (Attention, l'import concerne toutes les entités : patients, prélèvements, échantillons, etc...).

Export: (Attention, l'export concerne toutes les entités : patients, prélèvements, échantillons, etc...).

Enregistrer Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom du profil	Texte
Anonymisation	Accès aux données anonymes	Case cochée ou décochée
Accès à l'administration	Accès à l'onglet d'administration	Case cochée ou décochée
Puis pour chaque entité :		
- Consultation	Droit de consultation	Case cochée ou décochée
- Création	Droit de création	Case cochée ou décochée
- Modification	Droit de modification	Case cochée ou décochée
- Suppression	Droit de suppression	Case cochée ou décochée
- Modification multiple (Nouveauté V2)	Droit de modification multiple	Case cochée ou décochée
- Annotation (Nouveauté V2)	Droit d'accès aux annotations	Case cochée ou décochée
Import	Accès à l'importation des données	Case cochée ou décochée
Export	Accès à l'exportation des données	NON ANONYME NOMINATIF

❖ Validez votre saisie en cliquant sur «  Enregistrer ».

Astuce : Cliquez sur « Cocher tous » pour automatiquement cocher tous les droits.

Attention :


- Toute personne ayant le droit de supprimer un prélèvement aura le droit de changer un prélèvement de collection.
- Ne donner accès à l'administration qu'aux personnes habilitées, notamment à la gestion des collaborations.

Remarque : En cas d'anonymisation, les noms, prénoms, date de naissances, numéro de patients et lieu de stockage des échantillons et des dérivés seront masqués.

3.1.4.2. Modifier ou supprimer un profil :

❖ Cliquez sur le nom du profil dans le menu « Profils »

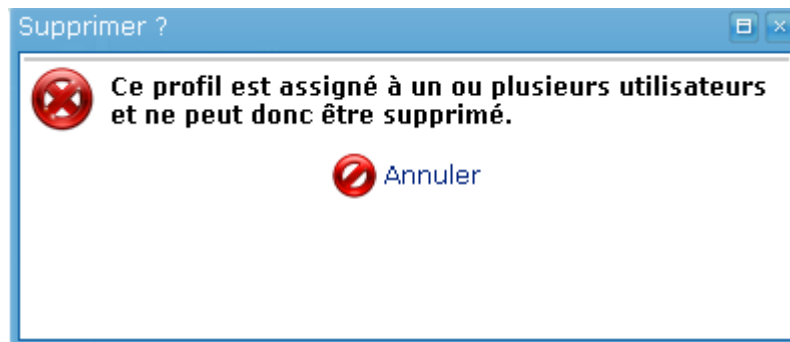
❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un profil.

❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.

❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer un profil.

Attention :

- Les profils sont communs à toute la base, toute modification sera répercutée sur les autres plateformes et collections.
- Si le profil que vous voulez supprimer est utilisé dans la base, le message suivant apparaîtra :



La suppression est alors impossible.

3.1.5. Gestion des comptes :

❖ Cliquez sur « Comptes » pour accéder à la liste des utilisateurs.

Liste des utilisateurs			
Login	Autorisations de l'utilisateur	Date de création du compte	Date de désactivation
adobati	Tumorotheque HEH - technicien		
allias	Tumorotheque Croix-Rousse - responsable collection		
angoulvant	STEMI - responsable collection		
bancel	Tumorotheque Croix-Rousse - responsable collection		
barnoud	Tumorotheque Croix-Rousse - responsable collection		
belghali	Diabète (R2D2) - responsable collection STEMI - responsable collection		
blanchard	Pathologies NeuroPédiatriques - responsable collection		
blasco	Autoimmunité - mici - Technicien + mod multiple + export anonyme Autoimmunité - rhumato - Technicien + mod multiple + export anonyme		
blein	STEMI - Technicien + mod multiples	08/12/2011 09:38	30/09/2012
bonnefoy	STEMI - responsable collection		
callet-bauchu	Cytatque CHLS - médecin ARC		
castellano	Cytatque CHLS - consultation des patients		
charlois	Autoimmunité - mici - technicien		
cho	Ischémie cérébrale - médecin ARC		

☐ ⑤ Recherche
 ☒ ③ Afficher uniquement les comptes actifs
 ☐ ④ Afficher les comptes originaux des plateformes accessibles
  ①

Ce menu contient la liste des comptes enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- ① Créer un nouveau compte en cliquant sur « Nouveau ».
- ② Consulter un compte en cliquant sur son nom dans la liste puis sur « Modifier ».
- ③ Afficher uniquement les comptes actifs ou tous les comptes (y compris les comptes inactifs) (**Nouveauté V2.0.9**)
- ④ Afficher les comptes originaire des autres plateformes accessibles (**Nouveauté V2.0.9**).
- ⑤ Rechercher un compte (**Nouveauté V2.0.9**)

Remarques :

- Les comptes grisés italiques sont les comptes inactifs.
- les dates de création et de désactivation des comptes n'apparaissent que pour les comptes créés avec la version 2.

3.1.5.1. Créer un compte :

❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu « Comptes ».

Fiche Utilisateur

Login *

Mot de passe *

Confirmation du mot de passe *

LDAP

Email

Collaborateur associé à ce compte [Aide à la saisie](#)

Compte désactivé ☐

Date de désactivation du mot de passe

Cette date sera repoussée de 5 mois à chaque changement du mot de passe.

▲ **Autorisations de l'utilisateur**

Super administrateur de l'application Non

Collection	Profil

Ajout d'une autorisation

Collection

Profil


[Ajouter l'autorisation](#)

Enregistrer Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Login *	Login de l'utilisateur	Texte
Mot de passe *	Mot de passe de l'utilisateur	Texte
Confirmation du mot de passe *	Mot de passe de l'utilisateur	Texte
LDPA (Nouveauté V2)	Lien avec l'annuaire des utilisateurs de l'établissement (en cours de développement)	
Email	Email de l'utilisateur	Texte
Collaborateur associé à ce compte (Nouveauté V2)	Collaborateur correspondant à l'utilisateur	Collaborateur enregistré
Compte désactivé	Désactivation du compte	Case cochée ou décochée
Date de désactivation automatique du compte (Nouveauté V2)	Date avant laquelle le mot de passe doit être changé sous peine de désactivation du compte lors de la connexion (délai paramétrable par l'informaticien)	Date au format JJ/MM/AAAA
Collection	Collection à laquelle l'utilisateur est autorisé à se connecter	Collections enregistrées

Profil	Profil correspondant	Profils enregistrés
--------	----------------------	---------------------

❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la création du compte.

Gestion des mots de passe (Nouveauté V2) :

Pour les nouveaux comptes :

- Le mot de passe doit contenir au minimum une minuscule, une majuscule, un caractère spécial et un chiffre, et avoir au maximum 9 caractères,
- le **mot de passe** doit être changé lors de la première connexion puis au plus tard 6 mois après la création. La date de désactivation du mot de passe est repoussée de 5 mois à chaque changement du mot de passe.
- En cas de désactivation automatique du mot de passe, le message suivant apparaît à la connexion :









Remarques importantes :

- Un même utilisateur peut avoir accès à plusieurs collections, avec des profils différents mais **avec le même compte**.
- Si les profils sont différents, il n'y a pas d'accès en toutes collections (Nouveauté V2).
- Le compte ADMIN_TUMO est le compte d'accès aux informaticiens de l'équipe TK (super administrateur de l'application).
- Les comptes inactifs apparaissent en grisé dans la liste des comptes (décocher la case à cocher).


3.1.5.2. Affectation des imprimantes et des modèles d'étiquettes à un utilisateur


❖ Cliquez sur le compte auquel vous voulez donner des droits d'impression d'étiquettes

❖ Cliquez sur «  **Affectation des imprimantes pour chaque collection** », la liste des collections de l'utilisateur apparaît :

Collection	Imprimante	Modèle d'étiquette		
Autisme				
Démences				
Diabète (R2D2)				



❖ Cliquez sur  pour rajouter une imprimante et un modèle d'étiquette pour la collection

❖ Cliquez sur  pour supprimer la ligne


Remarque : Pour appliquer la même imprimante et le même modèle d'étiquette pour toutes les collections, cliquez sur  **Définir une même imprimante et un même modèle pour toutes les collections**

3.1.5.3. Modifier ou supprimer un compte :

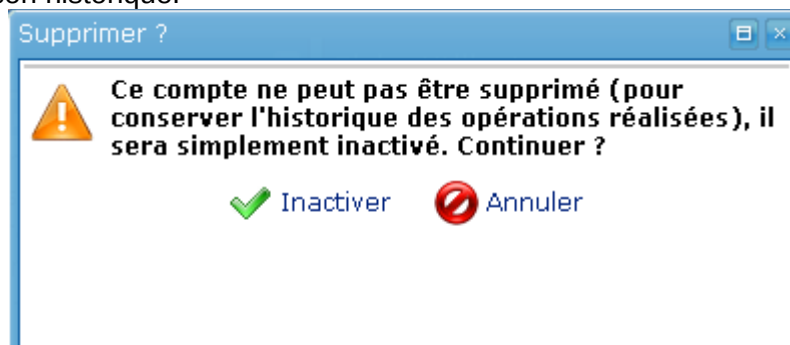
❖ Cliquez sur le compte que vous voulez modifier / supprimer dans le menu « Comptes ».

❖ Pour supprimer l'accès à une collection, cliquez sur «  Modifier » puis sur  de la collection à laquelle vous voulez supprimer l'accès.


❖ Pour désactiver provisoirement un compte, cliquez la case à cocher « compte désactivé »

❖ Pour supprimer un compte, cliquez sur «  Supprimer ».

Attention : Un compte ne pourra pas être supprimé s'il a été utilisé. Il pourra seulement être inactivé pour pouvoir garder son historique.



Nouveauté V2 : Les utilisateurs peuvent modifier leur mot de passe s'ils le souhaitent sans passer par


les administrateurs en cliquant sur l'icône  en haut à droite de l'écran. La fenêtre suivante apparaît :

3.2. Paramétrages optionnels :

3.2.1. Gestion des annotations :

Ce module permet de personnaliser l'application en créant des tables de données entièrement paramétrables aux patients / prélèvements / échantillons / dérivés / cessions.

❖ Cliquez sur le lien « Annotations » pour accéder au menu.

Tables
❏ Patient
❏ Prélèvement
❏ Echantillon
❏ Dérivé
❏ Cession
❏ Catalogues
 Nouveau

La partie « catalogue » permet de modifier les thesaurus des tables INCa (contexte anatomopathologie).

Vous pouvez :

- Créer une nouvelle table d'annotations en cliquant sur « Nouveau ».
- Modifier une table d'annotations en cliquant sur son nom dans la liste.

3.2.1.1. Créer une table d'annotation :

❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu « Annotations ».

Détails de la Table Annotations

Table d'annotation applicables sur

Patient


Nom de la table *

Valeur obligatoire

Description




☒ **Collections auxquelles la table est assignée (1)**

Sclérose en plaques

 Assigner la table à une nouvelle collection

Champs

Nom du champ	Type	Valeur(s) par défaut	Oblig.	Comb.				

 Nouveau champ
 Enregistrer
 Annuler

❖ Complétez les informations

Champ de saisie	Description	Valeur
Table d'annotation applicables sur	Entité à laquelle s'applique la table	Patient Prélèvement Echantillon Dérivé Cession
Nom de la table *	Nom de la table	Texte
Description	Description de la table	Texte

La table est assignée par défaut à la collection à laquelle la personne qui la crée est connecté.
Pour assigner la table à d'autres collections :

❖ Cliquez sur « Assigner la table à une nouvelle collection » (**Nouveauté V2**).

☒ Collections auxquelles la table est assignée (1)

AUTISME

Neuropathies dysimmunes

Neuropathies dysimmunes

Tumeurs cérébrales

Démences

Myologie

Nerf

Myasthénie

Synd Neuro Paranéoplasiques

Sclérose en plaques

Epilepsie

Pat. NeuroDégénératives Mouv.

Cytathèque CHLS

Dermatite atopique

Tumorothèque HEH

Hypersensibilité immédiate

Ischémie cérébrale

Schizophrénie

Tumorothèque Croix-Rousse


Hypersensibilité retardée

Psoriasis




Urticaire

Valeur(s) par défaut

Oblig. Comb.

❖ Choisissez parmi la ou les collections de la liste puis cliquez sur «  » pour validez.

Champs

Nom du champ	Type	Valeur(s) par défaut	Oblig.	Comb.				
	Alphanumérique		<input type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>				

❖ Créez les champs de la table en cliquant sur « Nouveau champ » :




❖ Complétez les informations :

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom du champ	Nom du champ	Texte limité à 100 caractères
Type	Type de champ	- Alphanumérique (10 caractères) - Texte (200 caractères) - Numérique - Date (JJ/MM/AAAA) - Booléen (Oui/Non) - Thésaurus (Liste de choix) - Fichier (Nouveauté V2) - Lien (Nouveauté V2) - Liste multiple (Nouveauté V2)
Valeur par défaut	Valeur par défaut si aucune information	Texte (Nouveauté V2)
Obligatoire	Champ obligatoire à remplir	Case cochée ou décochée (Nouveauté V2)
Combiné	Champ combiné à un autre	Case cochée ou décochée (Nouveauté V2)




Nouveautés V2 :


- Les champs de type fichier permettent de faire un lien vers un fichier (xls, doc, jpg etc...) **de taille limitée à 1 Mo.**
- Les champs de type lien permettent de faire un lien vers une adresse <http://www>
- Les champs de type liste multiple sont des champs associés à un thesaurus dont vous pouvez choisir une ou plusieurs valeurs


- Les champs combinés associent un champ booléen à un autre champ (sauf booléen ou fichier).
- Pour modifier l'ordre des tables pour une collection, aller dans le menu « Collection »
- Il n'est pas possible de créer 2 champs de même type et de même nom dans une table (contrôle de doublon)

❖ Pour saisir les valeurs des thesaurus, cliquer sur  et saisir chaque item puis  puis «  Valider » à la fin de la liste :

Valeur(s) par défaut

Label	Valeur
 Valider	 Annuler
 Nouvel Item	

❖ Validez chaque nouveau champ en cliquant sur «  » .

❖ Une fois l'ensemble des champs saisis, validez votre table en cliquant sur «  Enregistrer ».

3.2.1.2. Modifier des tables d'annotations :

❖ Cliquez sur le nom de la table pour accéder à la table d'annotations existante.

❖ Cliquez sur «  Modifier » dans la barre des liens.

Détails de la Table Annotations













Table d'annotation applicables sur **Patient**




Nom de la table *

Description




☒ Collections auxquelles la table est assignée (1)

Champs


Nom du champ	Type	Valeur(s) par défaut	Oblig.	Comb.				
Certain/probable /suspecté ?	Thesaurus	- certain - probable - suspecté	Non	Non				
Protocole	Liste multiple	details	Non	Non				
Numéro EDMUS	Alphanumérique		Non	Non				

 Nouveau champ  Valider  Annuler

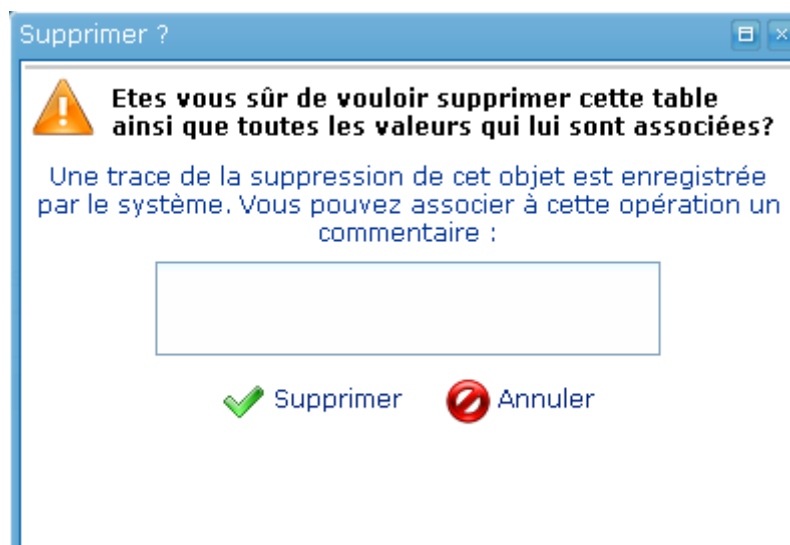
❖ Cliquez sur «   » pour modifier l'ordre des champs (**Nouveauté V2**)


- ❖ Cliquez sur «  » pour modifier le champ ou la liste des thesaurus.
- ❖ Cliquez sur «  » pour supprimer le champ.
- ❖ Cliquez sur « **détail** » pour modifier une liste multiple
- ❖ Cliquez sur « Assigner la table à une nouvelle collection » pour rajouter la table à une autre collection.
- ❖ Cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications

3.2.1.3. Supprimer des tables d'annotations :

- ❖ Cliquez sur le Nom de la table pour accéder à la table d'annotations existante.
- ❖ Cliquez sur «  Supprimer » dans la barre des liens.

Le message suivant apparaîtra :



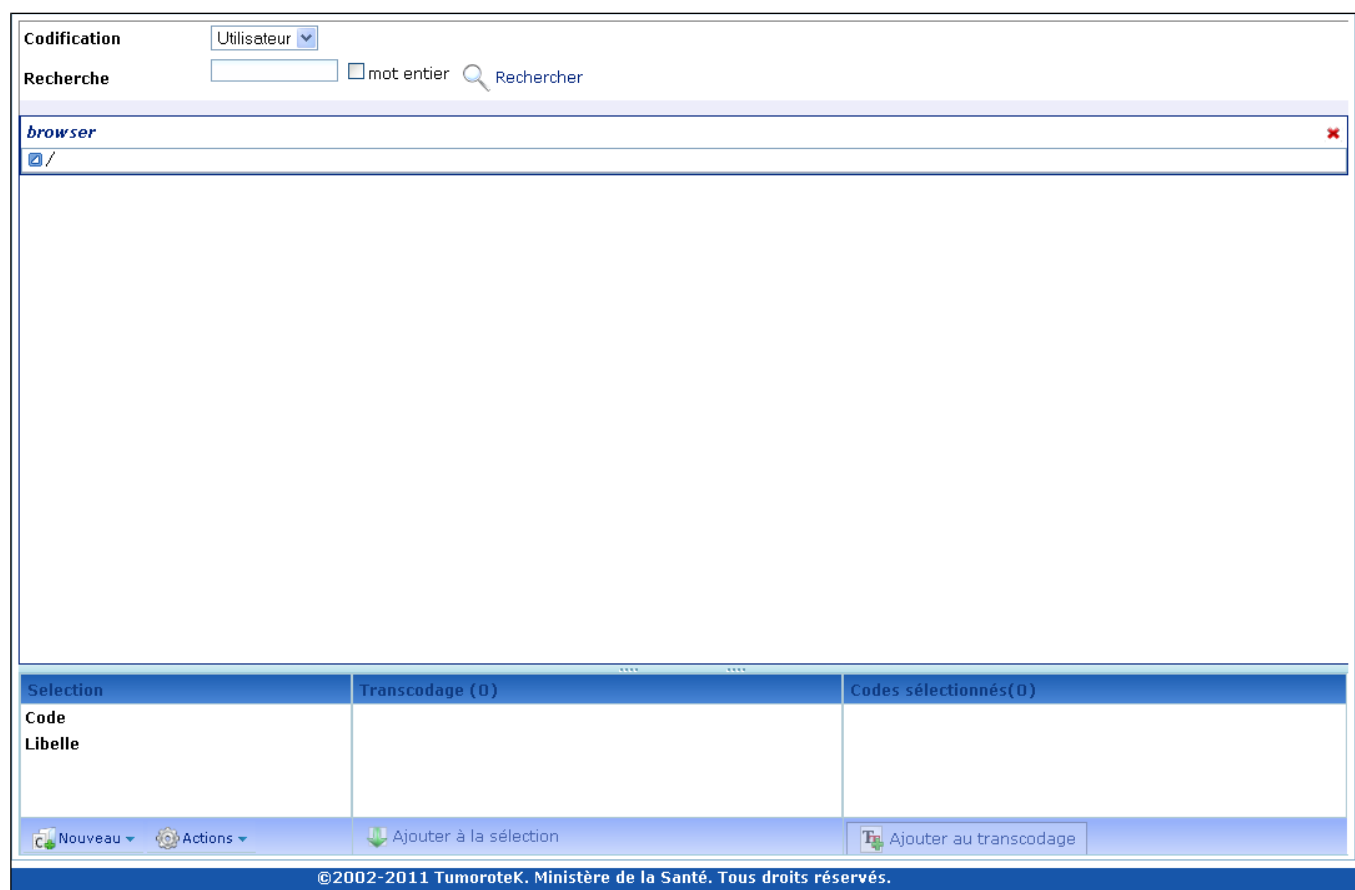
- ❖ Cliquez sur «  Supprimer » si vous désirez supprimer définitivement cette table d'annotation.

Remarque : Les commentaires ne sont pas accessibles à l'utilisateur dans cette version

3.2.2. Menu Codification (**Nouveauté V2**) :

Ce module permet de personnaliser l'application en sélectionnant, par collection, les codes favoris parmi les codes ADICAP, CIMO et CIM10, et de créer des codes utilisateurs.

❖ Cliquez sur le lien « Codification » pour accéder au menu.



Codification Utilisateur

Recherche ☐ mot entier

browser

Selection	Transcodage (0)	Codes sélectionnés(0)
Code		
Libelle		

Nouveau Actions Ajouter à la sélection Ajouter au transcodage

©2002-2011 TumoroteK. Ministère de la Santé. Tous droits réservés.

Ce menu contient la liste des codes utilisés dans le système. Vous pouvez :

- Visualiser les codifications ADICAP, CIM10 et CIMO,
- Créer une nouvelle codification en cliquant sur « Nouveau »
- Organiser l'enregistrement des codes favoris

Voir le chapitre 7 « Module de codage ».

3.2.3. Menu Contrats (**Nouveauté V2**) :

Ce module permet de gérer les projets de recherches liés aux échantillons en regroupant les cessions liées à ces projets. Les contrats permettent de tracer les étapes liées à un projet, depuis la demande jusqu'aux envois des échantillons ou des dérivés. Un tableau récapitulatif permet de visualiser en temps réel l'avancement du projet. Les différents délais sont calculés automatiquement (délai de validation du projet, délai d'envoi du contrat, délai de signature du contrat, délai global).

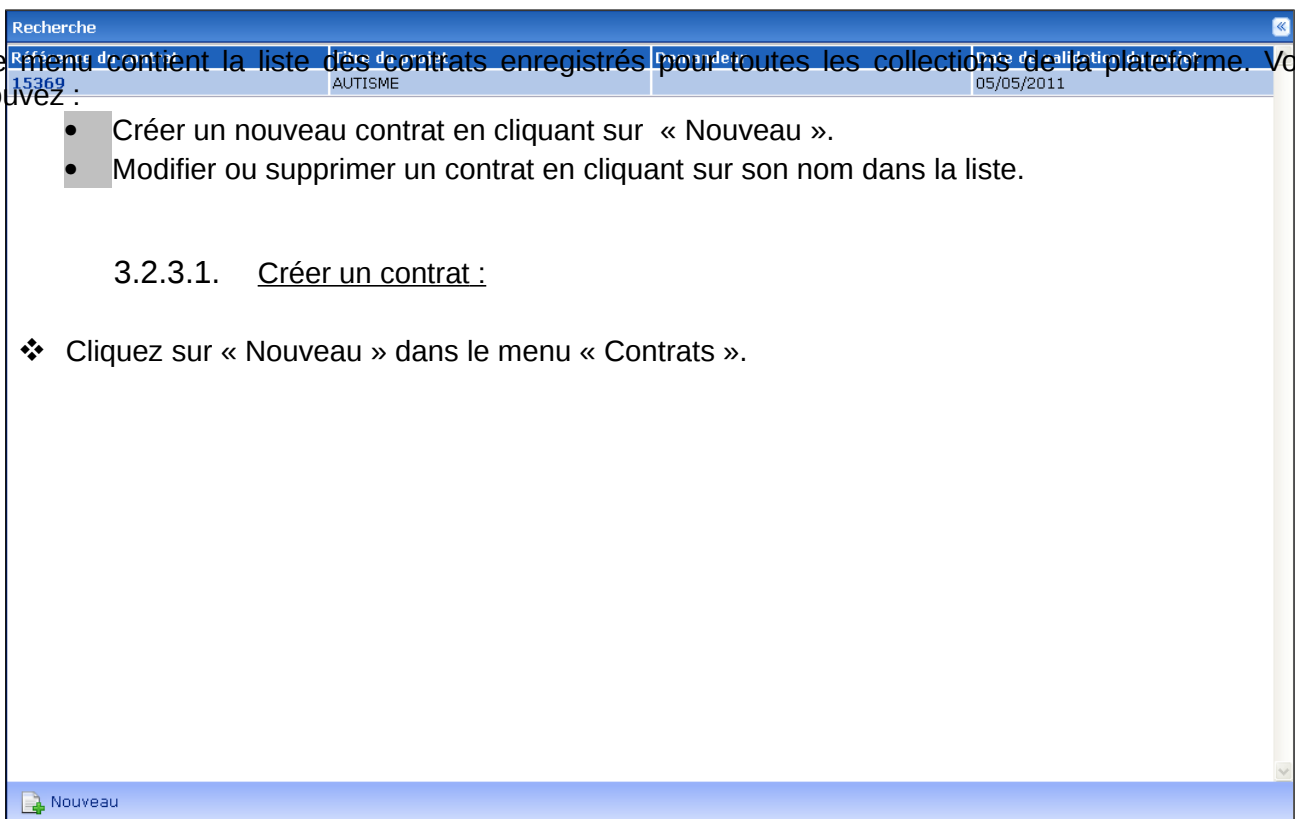
- ❖ Cliquez sur le lien « Contrats » pour accéder au menu.

Ce menu contient la liste des contrats enregistrés pour toutes les collections de la plateforme. Vous pouvez :

- Créer un nouveau contrat en cliquant sur « Nouveau ».
- Modifier ou supprimer un contrat en cliquant sur son nom dans la liste.

3.2.3.1. Créer un contrat :

- ❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu « Contrats ».



Fiche Contrat

Référence du contrat *

Projet

Date de demande de collaboration

31

Date de validation du projet

31

Titre du projet

Type du projet

Description

Etablissement demandeur

Service demandeur

Aide à la saisie

Demandeur

Aide à la saisie

Contrat

Date de demande de rédaction

31

Date d'envoi du contrat

31

Date de signature

31

Montant

€

Enregistrer


Annuler

❖ Complétez les informations :

Champ de saisie	Description	Valeur
Référence du contrat *	Numéro du contrat	Texte
Date de demande de collaboration	Date de demande de collaboration	Date JJ/MM/AAAA
Date de validation du projet	Date de validation du projet	Date JJ/MM/AAAA
Titre du projet	Titre du projet associé au contrat	Texte
Type de projet	Type du projet associé au contrat	Thésaurus modifiable : Recherche Thérapeutique etc.....
Description	Description du projet	Texte
Etablissement demandeur	Etablissement ayant demandé des échantillons	Etablissements enregistrés dans TK
Service demandeur	Service ayant demandé des échantillons	Services enregistrés dans TK

Demandeur	Collaborateur ayant demandé des échantillons	Collaborateurs enregistrés dans TK
Date de demande de rédaction	Date de demande de rédaction du contrat	Date JJ/MM/AAAA
Date d'envoi du contrat	Date d'envoi du contrat	Date JJ/MM/AAAA
Date de signature	Date de signature du contrat	Date JJ/MM/AAAA
Montant	Montant du contrat en €	Numérique

❖ Choisissez parmi la liste des collections présentes dans le thésaurus.

❖ Validez votre choix en cliquant sur «  ».


❖ Validez votre saisie en cliquant sur «  Enregistrer ».

Remarque : Les contrats ne sont pas liés à une collection, uniquement à la plateforme qui les a créés.

3.2.3.2. Modifier ou supprimer un contrat :

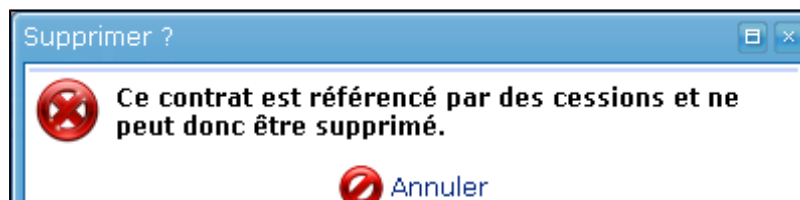
❖ Cliquez sur le nom du contrat dans le menu « Contrats ».

❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un contrat.

❖ Cliquez ensuite sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.

❖ Cliquez sur le lien « Supprimer » pour supprimer un contrat.

Attention : Si le contrat que vous voulez supprimer est utilisé dans la base, le message suivant apparaîtra :



La suppression est alors impossible.

3.2.3.1. Consulter un contrat :

❖ Cliquez sur le nom du contrat dans le menu « Contrats ».

❖ Les informations ci-dessous apparaissent :

- Liste des cessions liées au projet

- Indicateurs de délai :

- Délai de validation du contrat= Date de validation du projet -date de demande de collaboration
- Délai d'envoi du contrat= Date d'envoi du contrat- Date de demande de rédaction
- Délai de signature du contrat=Date de signature-date d'envoi du contrat
- Délai global du contrat= date de cession (la dernière si plusieurs)-date de demande de collaboration

-

3.2.4. Gestion des formats des boîtes :

Ce module permet de créer tous les formats de boîtes souhaités (rectangulaires ou autre format).

❖ Cliquez sur le lien « Formats de boîtes » pour accéder au menu.

Recherche

Nom du format

- Rectangulaire_100
- Rectangulaire_169
- Rectangulaire_49
- Rectangulaire_81
- Rectangulaire_9
- Rectangulaire_96
- Triangulaire_67

Format d'une boîte de stockage

Nom du format Rectangulaire_100

Longueur 10 **Hauteur** 10

Nombre de places 100

La numérotation des emplacements commence sur la première ligne de la terminale (symbolisée par le carré rouge sur le format de la boîte).

☒ Visualisation de la boîte

Nouveau Modifier Supprimer

©2002-2011 Tumorotek. Ministère de la Santé. Tous droits réservés.

Ce menu contient la liste des formats des boîtes enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- Créer un nouveau format de boîtes en cliquant sur « Nouveau ».
- Modifier le format d'une boîte en cliquant sur son nom dans la liste.
- Supprimer le format d'une boîte.

3.2.4.1. Ajouter un format de boîte :

❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu « Formats des boîtes ».

3.2.4.1.1. Création d'une boîte rectangulaire :

Format d'une boîte de stockage


Nom du format * Valeur obligatoire

En cochant la case, la numérotation des emplacements commencera sur la première ligne de la terminale (sinon ce sera sur la dernière). ☒



Dénition du format

☒ Créer une boîte rectangulaire (par saisie de la hauteur et de la longueur)
☐ Créer une boîte complexe (par saisie du nombre d'emplacements de chaque ligne)

Longueur Hauteur

 Prévisualiser la boîte

☒ Visualisation de la boîte

 Enregistrer
  Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom du format *	Nom du format de boîte créé	Texte
Début de la numérotation	Choix de l'emplacement du début de la numérotation	Case cochée ou décochée
Choix du type de boîte	Choix de boîte rectangulaire ou complexe	Case cochée ou décochée
Longueur	Longueur de la boîte (en emplacements)	Numérique
Hauteur	Hauteur de la boîte (en emplacements)	Numérique

❖ Prévisualisez la boîte en cliquant sur « Prévisualiser la boîte ».

Format d'une boîte de stockageNom du format *

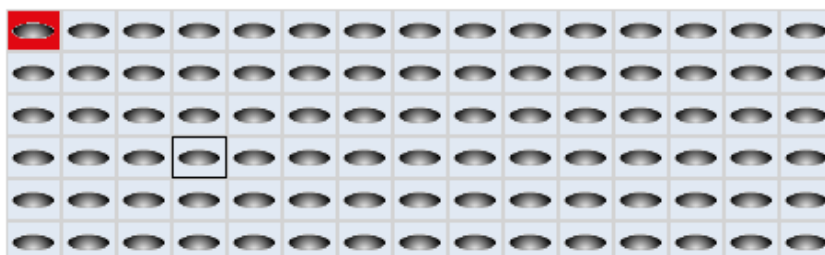
En cochant la case, la numérotation des emplacements commencera sur la première ligne de la terminale (sinon ce sera sur la dernière). ☒

Dénition du format

- ☒ Créer une boîte rectangulaire (par saisie de la hauteur et de la longueur)
☐ Créer une boîte complexe (par saisie du nombre d'emplacements de chaque ligne)

Longueur Hauteur 

Prévisualiser la boîte

☒ **Visualisation de la boîte**

Enregistrer



Annuler

❖ Validez votre saisie en cliquant sur «  Enregistrer ».

3.2.4.1.2. Création d'une boîte complexe :

Format d'une boîte de stockage


Nom du format *


En cochant la case, la numérotation des emplacements commencera sur la première ligne de la terminale (sinon ce sera sur la dernière). ☒

Dénition du format



☐ Créer une boîte rectangulaire (par saisie de la hauteur et de la longueur)

☒ Créer une boîte complexe (par saisie du nombre d'emplacements de chaque ligne)

Nombre de lignes  Définir le nombre d'emplacements de chaque ligne

 Prévisualiser la boîte

☒ Visualisation de la boîte

 Enregistrer  Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom du format *	Nom du format de boîte créé	Texte
Début de la numérotation	Choix de l'emplacement du début de la numérotation	Case cochée ou décochée
Choix du type de boîte	Choix du type de boîte à créer	Case cochée ou décochée
Nombres de lignes	Nombres de lignes composant la boîte	Numérique

❖ Cliquez sur « Définir le nombre d'emplacements de chaque ligne » afin de déterminer les nombres d'emplacement qu'il y aura sur les différentes lignes de la boîte.

Nombre de lignes	<input type="text" value="3"/>	Définir le nombre d'emplacements de chaque ligne
Nombre d'emplacements de la ligne 1	<input type="text"/>	
Nombre d'emplacements de la ligne 2	<input type="text"/>	
Nombre d'emplacements de la ligne 3	<input type="text"/>	

- ❖ Complétez le nombre d'emplacement que vous désirez sur chaque ligne.
- ❖ Cliquez sur « Prévisualiser la boîte » pour décider si le format de la boîte vous convient.

Format d'une boîte de stockage

Nom du format *

En cochant la case, la numérotation des emplacements commencera sur la première ligne de la terminale (sinon ce sera sur la dernière). ☒

Dénition du format

☐ Créer une boîte rectangulaire (par saisie de la hauteur et de la longueur)
☒ Créer une boîte complexe (par saisie du nombre d'emplacements de chaque ligne)

Nombre de lignes Définir le nombre d'emplacements de chaque ligne

Nombre d'emplacements de la ligne 1	<input type="text" value="5"/>	
Nombre d'emplacements de la ligne 2	<input type="text" value="7"/>	
Nombre d'emplacements de la ligne 3	<input type="text" value="2"/>	



Prévisualiser la boîte

☒ Visualisation de la boîte

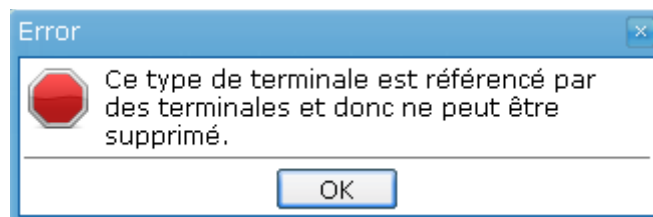
Enregistrer
 Annuler

- ❖ Validez votre saisie en cliquant sur « Enregistrer ».

3.2.4.2. Modifier ou supprimer un format de boîte :

- ❖ Cliquez sur le nom du format de boîte dans le menu « Formats des boîtes ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un format de boîte.
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.
- ❖ Cliquez sur « Supprimer » pour supprimer un format de boîte.

Attention : Si le format de boîte que vous voulez supprimer est utilisé dans la base, le message suivant apparaîtra :






La suppression est alors impossible.

3.2.5. Gestion de la numérotation automatique :

Ce module permet de définir, par collection, la numérotation automatique du code prélèvement/échantillon/dérivés/cession. Celui-ci sera alors constitué de lettres définies par collection et de chiffres incrémentés..

❖ Cliquez sur le lien « Numérotation » pour accéder au menu.

Recherche			Paramétrage de la numérotation automatique	
Code généré	Collection	Entité	Collection	Entité
			Composition du code généré <p>Lors de la génération du code, les '[' seront remplacés par la numération. Ex : PRLVT[]XT = PRLVT00056XT. Un code généré sera composé d'une numérotation ainsi que d'un préfixe et/ou d'un suffixe.</p>	
			Code généré	
			Première numérotation	Première numérotation affectée.
			Numérotation actuelle	Dernière numérotation générée pour un code.
			Nombre de chiffres	Nombre de chiffres composants une numérotation. Ex : 5 chiffres => 00052.
			Compléter avec des '0'	Complète la numérotation générée avec des '0' pour avoir le bon nombre de chiffres.
			<div>  Nouveau  Modifier  Supprimer </div>	

©2002-2011 TumoroteK. Ministère de la Santé. Tous droits réservés.

Ce menu contient la liste des numérotations automatiques enregistrées dans le système. Vous pouvez :

- Créer une nouvelle numérotation automatique en cliquant sur le lien « Nouveau ».
- Modifier une numérotation automatique en cliquant sur son nom dans la liste.
- Supprimer une numérotation automatique.

3.2.5.1. Créer une numérotation automatique :

- ❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu « Numérotation ».

Paramétrage de la numérotation automatique

Collection *

Entité *

Composition du code généré

Code généré * XXX *Un code généré sera composé d'une numérotation ainsi que d'un préfixe et/ou d'un suffixe.*

Première numérotation * *Première numérotation affectée.*

Numérotation actuelle * *Dernière numérotation générée pour un code.*

Nombre de chiffres *Nombre de chiffres composants une numérotation. Ex : 5 chiffres => 00052.*

Compléter avec des '0' ☐ *Complète la numérotation générée avec des '0' pour avoir le bon nombre de chiffres.*


- ❖ Complétez les informations.

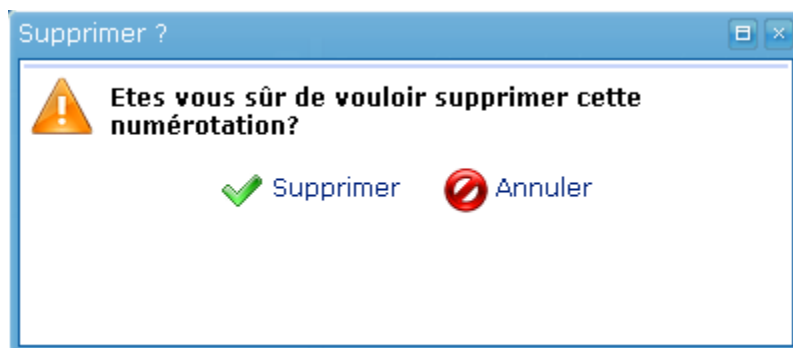
Champ de saisie	Description	Valeur
Collection *	Collection à laquelle s'applique la numérotation automatique	Collections enregistrées dans TK
Entité *	Entité sur laquelle s'applique la numérotation automatique	Prélèvement Echantillon Dérivé Cession
Code généré *	Préfixe et suffixe composant le code	Texte
Première numérotation *	Première numérotation affectée	Numérique
Numérotation actuelle *	Dernière numérotation générée pour un code	Numérique
Nombre de chiffres	Nombre de chiffres composant la numérotation	Numérique
Compléter avec des 0	Compléter la numérotation avec des 0	Case cochée ou décochée

- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la création d'une numérotation automatique.

3.2.5.2. Modifier ou supprimer une numérotation automatique :

- ❖ Cliquez sur la numérotation automatique que vous voulez modifier / supprimer dans le menu « Numérotation ».
- ❖ Cliquez sur « Modifier » pour modifier une numérotation automatique.

- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.
- ❖ Cliquez sur « Supprimer » pour supprimer une numérotation automatique.



- ❖ Un message apparaît pour valider la suppression. Cliquez alors sur «  Supprimer ».

3.2.6. Menu Plateforme (**Nouveauté V2**):

Les plateformes dont un regroupement de collections et permettent de les gérer de façon indépendante (thesaurus, modèles d'impression ou de requête...). Seuls les patients, collaborateurs, comptes et profils restent communs à toutes les plateformes. Elles sont gérées par un ou plusieurs administrateurs qui seuls, y ont accès.

❖ Cliquez sur le lien « Plateformes » pour accéder au menu.

Liste des plateformes		
Nom		
IMMUNOBIOTEC		
ALLERGOBIOTEC		
TUMOROTHEQUE CROIX-ROUSSE		
CIC		
NEUROBIOTEC		
TUMOROTHEQUE HEH		
CYTATHEQUE		

Fiche Plateforme		
Nom	NEUROBIOTEC	
Alias		
Responsable	DUFAY NATHALIE	
Administrateurs de la plateforme		
Login	Email	Collaborateur associé
ADMIN_TUMO		
bunet		
dufayadmin	nathalie.dufay@chu-lyon.fr	DUFAY NATHALIE
Collections associées à la plateforme		
Nom	Service gestionnaire	Responsable
Adénomes hypophysaires	NEUROBIOTEC	
...	NEUROPSYCHOLOGIE DE	

Ce menu contient la liste des plateformes auxquelles l'utilisateur a accès. Vous pouvez :

- Modifier une plateforme.

Remarque importante : Dans l'attente du développement de l'interface, la création d'une plateforme et l'affectation des collections ne peut être actuellement réalisée que par l'équipe d'informaticiens TK de l'hôpital Saint-Louis.

3.2.6.1. Modifier une plateforme :

- ❖ Cliquez sur le nom de la plateforme que vous souhaitez modifier dans le menu « Plateformes ».
- ❖ Cliquer sur « Modifier », la page suivante s'ouvre

Fiche Plateforme

Nom *

CYTATHEQUE

Alias

Responsable

MAGAUD JEAN-PIERRE

Aide à la saisie

☒ Administrateurs de la plateforme

Login	Email	Collaborateur associé	
dufayadmin			✗

Ajout d'un administrateur

Sélectionner un utilisateur

Ajouter l'administrateur

☒ Collections associées à la plateforme

Nom	Gestionnaire	Responsable
Cyatheque CHLS	LABORATOIRE D'HÉMATOLOGIE	MAGAUD JEAN-PIERRE

☒ Conteneurs accessibles (4)

AZ6	Dépannage AZ6	-196.0 °C	LABORATOIRE D'HÉMATOLOGIE	69 : CENTRE HOSPITALIER LYON SUD	✗
CB	Congel -80° CB	-80.0 °C	LABORATOIRE D'HÉMATOLOGIE	69 : CENTRE HOSPITALIER LYON SUD	✗
CC	Congel Cytogénétique	-80.0 °C	LABORATOIRE D'HÉMATOLOGIE	69 : CENTRE HOSPITALIER LYON SUD	✗
ESPB	AZ ESPACE B	-196.0 °C	LABORATOIRE D'HÉMATOLOGIE	69 : CENTRE HOSPITALIER LYON SUD	✗

Assigner un conteneur

Actions

Valider

Annuler

- ❖ Pour ajouter un administrateur de la plateforme, sélectionnez un utilisateur parmi la liste du thésaurus, puis cliquez sur « Ajouter l'administrateur ».
- ❖ Pour supprimer un administrateur de la plateforme, cliquez sur « ✗ » situé à la fin de la ligne de l'utilisateur.
- ❖ Pour ajouter un conteneur à la plateforme, cliquez sur le lien « Assigner un conteneur », choisissez le conteneur parmi la liste du thésaurus et validez en cliquant sur « ✓ ».
- ❖ Pour supprimer un conteneur de la plateforme, cliquez sur « ✗ » situé à la fin de la ligne du conteneur.

3.2.7. Gestion des thésaurus du système :

Ce module permet la modification de tous les thésaurus de l'application, sauf ceux des annotations qui sont modifiables dans l'onglet « annotations »..

- ❖ Cliquez sur le lien « Thésaurus » de l'onglet « Administration » pour accéder au menu.

Liste des thésaurus modifiables

- Catégorie de l'établissement
- Examen de cession sanitaire
- Milieu de conditionnement
- Mode de préparation des échantillons
- Mode de préparation des produits dérivés
- Motif de destruction
- Nature du prélèvement**
- Non conformité à l'arrivée
- Non conformité après traitement
- Non conformité à la cession
- Protocole (Sérothèque)
- Qualité de l'échantillon
- Qualité du produit dérivé
- Risque infectieux
- Spécialité du collaborateur

Thésaurus : Nature du prélèvement

Valeur(s)		
CELLULES		
ÉPANCHEMENT PLEURAL		
LBA		
LCR		
LIQUIDE D'ASCITE		
LIQUIDE DE KYSTE		
PLASMAPHÉRÈSE		
SALIVE		
SANG		
SANG MÉDULLAIRE (MOELLE)		
SELLES		
TISSU		
URINES		

1
/ 2

[1 - 20 / 23]

Ajouter valeur

Ce menu contient la liste des thésaurus (listes de choix) de l'application qui peuvent être personnalisés dans le système. Vous pouvez :

- Modifier un thésaurus en cliquant sur son intitulé.

3.2.7.1. Ajouter une valeur à un thésaurus :


- ❖ Cliquez sur le thésaurus que vous voulez modifier.
- ❖ Cliquez sur « Ajouter valeur » pour ajouter une nouvelle valeur au thésaurus.

Création d'une nouvelle valeur pour le thésaurus : Type de prélèvement




Saisir une valeur :

Valider

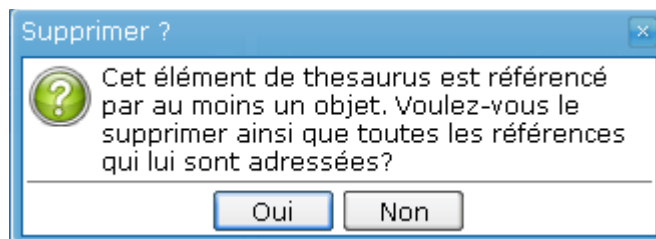
Annuler

- ❖ Saisissez une nouvelle valeur
- ❖ Cliquez sur «  Valider » pour enregistrer la nouvelle valeur.

3.2.7.2. Modifier ou supprimer une valeur :

- ❖ Cliquez sur «  » pour modifier une valeur.
- ❖ Modifiez la valeur.
- ❖ Cliquez sur «  Valider » pour enregistrer la modification.
- ❖ Cliquez sur «  » pour supprimer une valeur.

Attention : Lorsque vous voulez supprimer une valeur qui est utilisé dans le système, le message suivant apparaît :



Dans ce cas, ne cliquez sur « oui » que si vous êtes certain de vouloir supprimer la valeur. Il est prudent de vérifier par une requête les entités utilisant la valeur.

3.2.8. Gestion des transporteurs :

Ce module permet la gestion des transporteurs des prélèvements vers les CRB, ou des échantillons du CRB vers les chercheurs..

❖ Cliquez sur le lien « Transporteurs » de l'onglet « Administration » pour accéder au menu.


Recherche	Fiche transporteur
Société AERA TIME ALLO EXPRESS BIOMNIS CHERCHEUR CIBLEX CRYOEXPRESS DHL EXPRESS FEDEX FLASH BIOLOGISTIC GLOBEX24 LA POSTE NAVETTE HCL OCT SANTE PERSONNEL BIOTHÈQUE PNEUMATIQUE [1 - 15 / 20]	Société Société BIOMNIS Adresse Code postal Ville Pays Téléphone Fax Email Contact Nom XXXX Prénom Téléphone Fax Email Transporteur inactif Non

©2002-2011 TumoroteK. Ministère de la Santé. Tous droits réservés.

Ce menu contient la liste des transporteurs enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- Ajouter un nouveau transporteur en cliquant sur « Nouveau ».
- Modifier un transporteur en cliquant sur son nom dans la liste.

3.2.8.1. Ajouter un transporteur :

❖ Cliquez sur «  Nouveau » dans le menu « Transporteur ».

Fiche transporteur

Société

Société *

Adresse

Code postal

Ville

Pays

Téléphone

Fax

Email

Contact

Nom *



Prénom

Téléphone

Fax

Email

Transporteur inactif ☐




 Enregistrer  Annuler

❖ Complétez les informations.

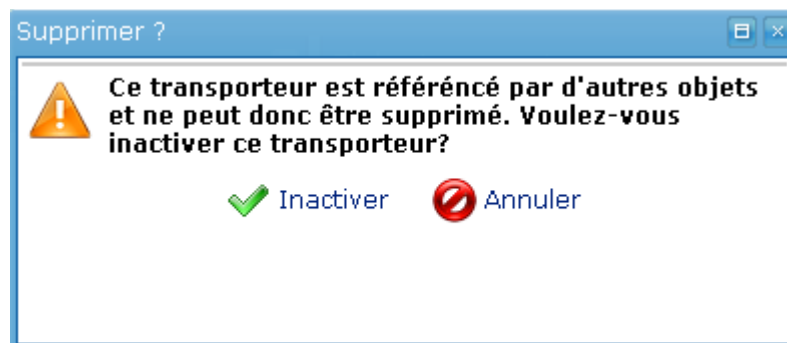
Champ de saisie	Description	Valeur
Société *	Nom de la société	Texte
Adresse	Adresse de la société	Texte
Code postal	Code postal de la société	Numérique
Ville	Ville où est localisée la société	Texte
Pays	Pays où est localisé la société	Texte
Téléphone	Téléphone de la société	Texte
Fax	Fax de la société	Texte
Nom *	Nom du contact	Texte
Prénom	Prénom du contact	Texte
Téléphone	Téléphone du contact	Texte
Fax	Fax du contact	Texte
Email	Email du contact	Texte
Transporteur inactif	Rendre le transporteur inactif	Case cochée ou décochée

❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider l'ensemble des informations.

3.2.8.2. Modifier ou supprimer un transporteur :

- ❖ Cliquez sur le nom du transporteur dans le menu « Transporteurs ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un transporteur.
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.
- ❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer un transporteur.

Attention : Si le transporteur est utilisé dans la base, le message suivant s'affichera :



La suppression sera impossible, seule l'inactivation sera envisageable.

3.3. Les Outils

3.3.1. Menu Historique

Ce module permet de visualiser l'activité réalisée sur l'application par date, action et utilisateur..

❖ Cliquez sur le lien « Historique » dans l'onglet « administrateur » pour accéder au menu.

Historique des actions réalisées dans TumoroteK

Critères de recherche :

Date
31/08/2011
Et
06/09/2011
Rechercher

Action effectuée

Utilisateur

Utilisateur	Action effectuée	Entité	Identifiant	Collection	Date et heure
dufayadmin	Creation	Patient	DUCLRA	-	05/09/2011 09:46
dufayadmin	Fusion	Patient	DUCLAR	-	05/09/2011 16:37
dufayadmin	Suppression	Patient	DUCLRE FREDERIQUE	-	05/09/2011 16:37
dufayadmin	Modification	Profil	Administrateur général	-	05/09/2011 17:26

Export

Ce menu contient la liste des actions réalisées dans TumoroteK. Vous pouvez :

- Rechercher les actions réalisées en fonction de la date, de l'action effectuée et de l'utilisateur.
- Exporter les résultats des recherches.

3.3.1.1. Rechercher les historiques :

❖ Complétez les informations des critères de recherche.

Champ de saisie	Description	Valeur
Date	Dates entre lesquelles la recherche est réalisée	Dates au format JJ/MM/AAAA
Action effectuée	Type d'action réalisée	Thésaurus
Utilisateur	Utilisateur qui a réalisé l'action	Thésaurus

- ❖ Cliquez sur « Recherche », une page s'affiche avec l'ensemble des actions réalisées.

Historique des actions réalisées dans TumoroteK

Critères de recherche :

Date: [.] 29/08/2011 Et 09/09/2011 Rechercher

Action effectuée: Modification

Utilisateur: dufayadmin

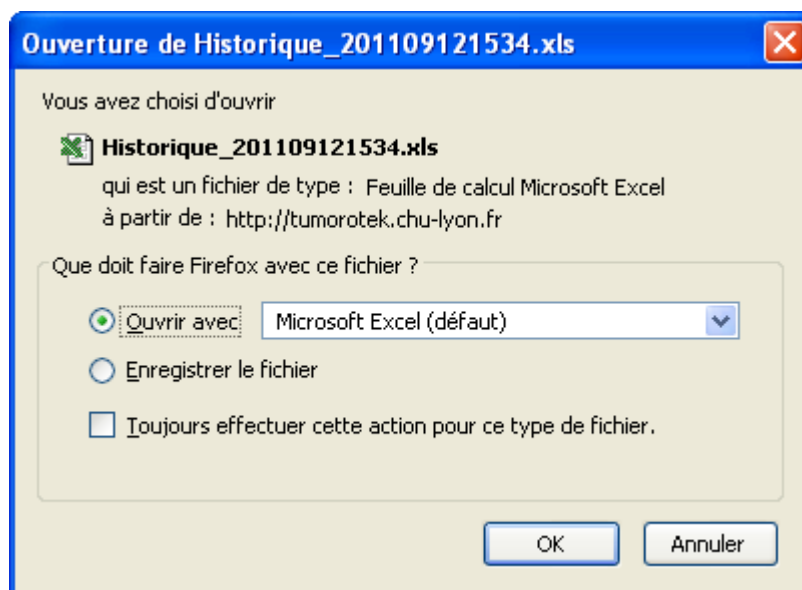
Utilisateur	Action effectuée	Entité	Identifiant	Collection	Date et heure
dufayadmin	Modification	Plateforme	-	-	29/08/2011 11:15
dufayadmin	Modification	ProdDerive	TUM1732.1ARN.7	Tumeurs cérébrales	29/08/2011 14:49
dufayadmin	Modification	Echantillon	TUM1732.1	Tumeurs cérébrales	29/08/2011 14:49
dufayadmin	Modification	Utilisateur	maison	-	29/08/2011 14:53
dufayadmin	Modification	Utilisateur	lauretl	-	29/08/2011 14:57
dufayadmin	Modification	Utilisateur	mayer.	-	29/08/2011 14:57
dufayadmin	Modification	Utilisateur	mayer.	-	29/08/2011 14:57
dufayadmin	Modification	Utilisateur	meyronet	-	29/08/2011 14:58
dufayadmin	Modification	Utilisateur	richard	-	29/08/2011 14:58
dufayadmin	Modification	Utilisateur	girollet	-	29/08/2011 14:58
dufayadmin	Modification	Profil	Administrateur général	-	05/09/2011 17:26
dufayadmin	Modification	Etablissement	69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE	-	08/09/2011 16:07
dufayadmin	Modification	Collaborateur	TROUILLAS	-	08/09/2011 16:11
dufayadmin	Modification	Collaborateur	PIALAT	-	08/09/2011 16:11
dufayadmin	Modification	Collaborateur	KOPP	-	08/09/2011 16:11

1 / 3 [1 - 15 / 37]

Export

3.3.1.2. Exporter les historiques :

- ❖ Une fois que la recherche a été réalisée, cliquez sur « Export » pour exporter dans un fichier Excel.
- ❖ Le message suivant apparaît alors :



- ❖ Choisissez d'ouvrir ou d'enregistrer le fichier, et cliquez sur « OK ».

3.3.2. Menu Import

Ce module permet d'importer des données relatives aux patients, maladies, prélèvements, échantillons et dérivés dans TumoroteK, par l'intermédiaire d'un **fichier Excel**.

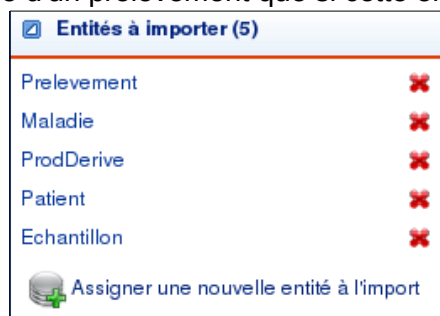
Il faut dans un premier temps créer un « **modèle d'import** » qui définira les entités à importer ainsi que les colonnes présentes dans le fichier Excel. Ce modèle pourra ensuite être réutilisé pour tous les imports similaires.

3.3.2.1. Description du modèle d'import :

Un modèle d'import correspond à un modèle de fichier Excel utilisé pour importer des données. Ainsi, une fois que vous aurez défini un modèle, vous pourrez l'utiliser pour tous vos fichiers Excel lui correspondant. Par exemple, vous pouvez définir un modèle permettant d'importer des patients, des maladies et des prélèvements que vous pourrez réutiliser à chaque fois que vous aurez un import similaire à faire (importer tous les prélèvements de la semaine).

3.3.2.1.1. Les entités à importer :

Il faut d'abord définir les entités que vous souhaitez importer : *Patient, Maladie, Prélèvement, Échantillon et Dérivé*. Les champs en base à importer dépendront des entités définies. Par exemple, vous ne pourrez importer le code d'un prélèvement que si cette entité est définie pour votre import.



Contenu d'une ligne

Le contenu du fichier Excel va donc dépendre de ces entités. Une ligne de votre fichier doit correspondre à un élément de l'entité la plus basse définie.

Si vous avez défini les entités Patient, Maladie, Prélèvement et Échantillon, chaque ligne du fichier correspondra à un échantillon à importer. Les données concernant le prélèvement correspondront au prélèvement parent de l'échantillon de la ligne. La maladie sera celle de ce prélèvement, et ainsi de suite jusqu'au patient.

Si plusieurs échantillons sont issus du même prélèvement, il faudra répéter les informations de ce prélèvement (ainsi que celles de sa maladie et du patient) sur chaque ligne.

Exemple :

Nom	Prénom	Libellé Maladie	Code Prélèvement	Type Prélèvement	Code Échantillon
MEUNIER	JEAN	C54.6	PRLVT1	SANG	PRLVT1.1
MEUNIER	JEAN	C54.6	PRLVT1	SANG	PRLVT1.2
MEUNIER	JEAN	C54.6	PRLVT2	SANG	PRLVT2.1
MEUNIER	JEAN	C54.6	PRLVT2	SANG	PRLVT2.2
DUPONT	JACQUES	XM548	PRLVT3	CELLULES	PRLVT3.1
....					

Lien entre les entités

Les liens entre les différentes entités seront automatiquement créés lors de l'import. Dans l'exemple ci-dessus, le patient MEUNIER aura donc une maladie C54.6. Celle-ci aura deux prélèvements : PRLVT1 et PRLVT2 qui seront liés aux échantillons définis. Si des dérivés devaient être importés, ils seraient associés à l'échantillon présent sur leur ligne.

Donc si vous souhaitez conserver tous les liens entre des échantillons et un patient, il faudra donc également importer les entités intermédiaires (Prélèvement et Maladie).

Import partiel

Lors de la procédure d'import, seuls les éléments qui ne sont pas déjà présents dans TumoroteK seront créés. Aucune modification ne sera faite.

Dans l'exemple précédent, si le patient MEUNIER JEAN et sa maladie sont déjà dans le système, seuls les prélèvements et les échantillons seront insérés. Cela permet une utilisation partielle du module d'import. Si par exemple vous souhaitez importer des produits dérivés pour des échantillons déjà enregistrés dans TumoroteK, il vous suffirait alors de ne définir que ces deux entités dans le modèle. Les dérivés seront alors automatiquement liés au bon échantillon et tous les liens (jusqu'au patient) seront conservés.

Remarques importantes :

Les thesaurus internes de TK (valeurs attendues) pour l'onglet patient sont :

Pour l'état du patient : V / D / Inconnu

Pour le sexe : F / M / Ind

Pour un établissement + service préleveur : établissement_ _service

3.3.2.1.2. Les colonnes du fichier Excel du modèle d'import :

Une fois les entités à importer choisies, il ne restera plus qu'à définir les colonnes qui seront présentes dans le fichier Excel. Chaque colonne va correspondre à un champ de TumoroteK à remplir. Définir une colonne (donner son nom), reviendra donc à lui associer un champ de TumoroteK.

1. Règles à respecter

o Tout d'abord, des **champs devront obligatoirement être associés à une colonne en fonction des entités à importer**. Par exemple, si vous souhaitez importer des échantillons, vous devrez définir une colonne correspondant à son code et une colonne pour son type.

o **Chaque colonne doit obligatoirement avoir un intitulé**. De plus, ceux-ci doivent être uniques (vous ne pouvez pas avoir deux colonnes avec le même nom).


o Enfin, **toutes les colonnes définies dans le modèle doivent être présentes dans le fichier Excel** (avec exactement le même intitulé).

2. Procédure de création

Lorsqu'une entité à importer aura été choisie (par exemple Prélèvement), les champs obligatoires seront automatiquement ajoutés à la liste des colonnes (ils ne pourront pas être retirés). Ensuite, par l'intermédiaire des listes déroulantes, vous pourrez choisir les autres champs que vous souhaitez importer.

☒ **Colonnes présentes dans le fichier**

Ajouter une nouvelle colonne en choisissant le champ à importer en fonction de son entité :

Entité : Champ à importer : 

Nom de la colonne	Champ associé	Format demandé	Entité			
<input type="text" value="Code"/>	Code de prélèvement	alphanum	Prelevement	▲	▼	
<input type="text" value="Nature"/>	Nature	thesaurus	Prelevement	▲	▼	
<input type="text" value="Statut"/>	Statut juridique	thesaurus	Prelevement	▲	▼	
<input type="text" value="Date"/>	Date du statut juridique	date	Prelevement	▲	▼	✗

3.3.2.2. Description du fichier d'import :

3.3.2.2.1. Format du fichier :

Le fichier à importer doit être au format Excel : xls (seul format reconnu). Les données à importer doivent se trouver sur la **première feuille de données** du fichier (cette feuille peut avoir n'importe quel nom). Enfin, **toutes les colonnes définies** dans le modèle utilisé doivent être présentes dans le fichier (avec le même intitulé).

Si ces règles ne sont pas respectées, un message d'erreur apparaît et l'import ne pourra pas avoir lieu.

3.3.2.2.2. Formatage des données :


La première règle à respecter concerne le formatage des cellules du fichier Excel : **elles ne doivent pas contenir de formules Excel**. Si ce n'est pas le cas, leur contenu ne pourra pas être lu et la donnée ne sera donc pas importée.

Il faut ensuite respecter le type des données de TumoroteK (présent dans le tableau des colonnes du modèle). Voici la signification de ces types :

- **Alphanum** : la valeur fournie peut être composée de lettres et de chiffres
- **Num** : la valeur fournie doit être numérique.
- **Date** : la valeur fournie est une date au format JJ/MM/AAAA hh:mm ou JJ/MM/AAAA.
- **Boolean** : la valeur fournie peut être 0 (pour NON) ou 1 (pour OUI).
- **Thesaurus** : la valeur fournie doit correspondre exactement à la valeur de thésaurus que vous souhaitez enregistrer (attention aux majuscules !).

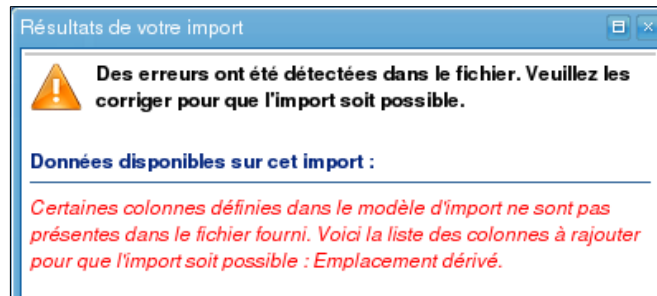
La dernière règle à respecter concerne le **statut obligatoire** de certains champs (le code d'un prélèvement par exemple). Si aucune valeur n'est entrée dans un de ces champs, l'élément à enregistrer sera rejeté.

3.3.2.3. Procédure d'import :

Pour exécuter la procédure d'import, il suffit de cliquer sur le  bouton qui se trouve sur la page des modèles d'import. Ensuite, il vous sera demandé de fournir le fichier Excel.

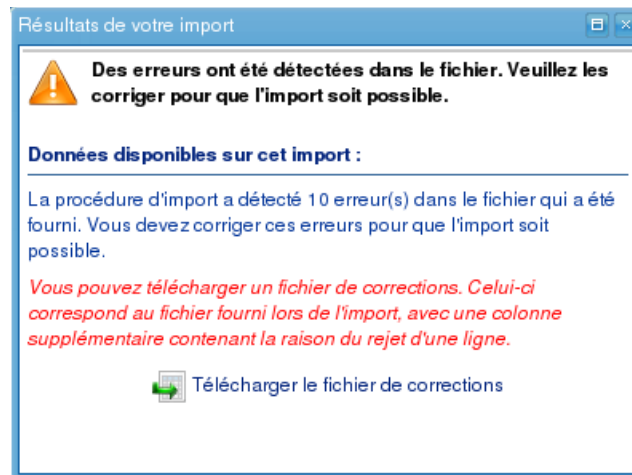
3.3.2.3.1. Import contenant des erreurs :

Il existe deux types de problèmes pouvant faire rejeter un import : le fichier fourni n'a pas un format valide (ce n'est pas un fichier Excel, il manque des colonnes). Une fenêtre apparaîtra pour vous expliquer le problème (les colonnes manquantes par exemple) :



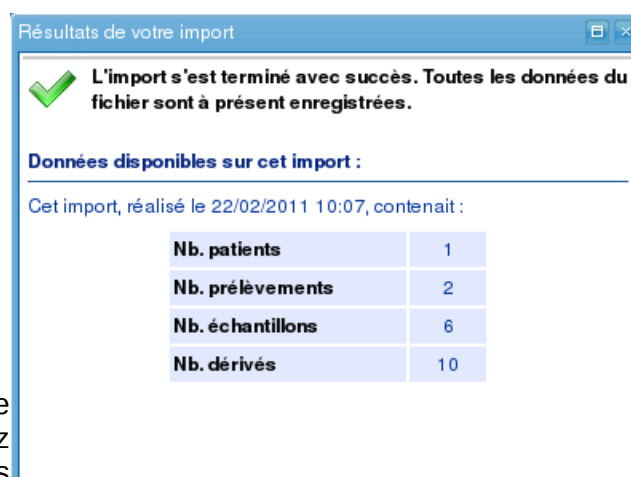
La deuxième cause de rejet concerne les erreurs de validation sur les données fournies. Si une mauvaise valeur est saisie dans une ligne (valeur de thésaurus inconnue, date invalide...) la ligne sera entièrement rejetée. **Pour que l'import soit possible, toutes les lignes doivent être valides.**

Dans ce cas de figure, il vous sera proposé de télécharger un fichier Excel reprenant celui fourni, et ayant une colonne supplémentaire qui contiendra l'erreur détectée sur la ligne :



3.3.2.3.2. Import valide :

Si aucune erreur n'est détectée dans votre fichier, l'import sera validé et tous les objets insérés dans TumoroteK. Une fenêtre apparaîtra pour présenter un bilan de l'import :



Sur la fiche du modèle d'import utilisé, vous pouvez voir l'historique de tous les imports valides réalisés pour ce modèle. Vous y verrez la date de ces imports avec le nombre d'objets insérés. Il est possible d'accéder à ces objets en cliquant sur le lien.

Historique des imports (3)					
Date	Utilisateur	Nb. patients	Nb. prélèvements	Nb. échantillons	Nb. dérivés
19/01/2011 14:30	USER1	1	1	0	0
27/01/2011 16:00	USER1	0	0	0	0
22/02/2011 10:07	USER5	1	2	6	10

3.3.3. Gestion des impressions :

Ce module permet d'importer de créer des modèles de fiche d'impression à tous les niveaux de l'application TumoroteK


- ❖ Cliquez sur l'onglet « Impression » du menu « Administration » pour accéder au menu.

The screenshot displays the TumoroteK application interface. On the left is a vertical menu with various options: Collections, Annotations, Contrats, Collaborations, Transporteurs, Comptes, Profils, **Impression** (highlighted), Thésaurus, Formats des boîte, Numérotation, Statistiques, Imports, Codifications, and Imprimantes. The main area is divided into two panes. The left pane, titled 'Recherche', contains a table with the header 'Nom du modèle d'impression' and one entry, 'TEST'. The right pane, titled 'Modèle d'une fiche d'impression', contains a form for creating or editing a print model. The form fields include: 'Nom du modèle' (TEST), 'Type d'objet à imprimer' (Patient), 'Description', 'En-tête de la page', and 'Pied de page'. Below these fields is a section titled 'Paragraphe de la fiche d'impression' with a checkbox that is checked. Under this section is a table with the header 'Blocs d'impression' and four rows: 'Informations principales', 'Médecins référents (Liste d'éléments)', 'Informations maladies (Liste d'éléments)', and 'Informations prélèvements (Liste d'éléments)'. At the bottom right of the form are two buttons: 'Nouveau' (with a green plus icon) and 'Supprimer' (with a trash icon). The footer of the application shows the copyright notice: '©2002-2011 TumoroteK. Ministère de la Santé. Tous droits réservés.'

Ce menu contient la liste des modèles d'impression enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- Ajouter un nouveau modèle d'impression en cliquant sur le lien « Nouveau ».
- Supprimer un modèle d'impression.

3.3.3.1. Ajouter un modèle d'impression :

- ❖ Cliquez sur «  Nouveau » dans le menu « Impression ».

Modèle d'une fiche d'impression

Nom du modèle *

Type d'objet à imprimer * Patient

Description

En-tête de la page

Pied de page

☒ Paragraphes de la fiche d'impression

Blocs d'impression	Imprimer		
Informations principales Contenu : null, Nom usuel, Nom patronymique, Prénom, Sexe, Date de naissance, Ville de naissance, Pays de naissance, Etat du patient, Date de l'état.	<input checked="" type="checkbox"/>		▼
Médecins référents (Liste d'éléments) Colonnes : Titre, Nom, Prénom, Spécialité, Etablissement, Service.	<input checked="" type="checkbox"/>	▲ ▼	Editer les colonnes
Informations maladies (Liste d'éléments) Colonnes : Libellé, Code diagnostic, Date de début, Date du diagnostic, Maladie par défaut.	<input checked="" type="checkbox"/>	▲ ▼	Editer les colonnes
Informations prélèvements (Liste d'éléments) Colonnes : Code prélèvement, Date de prélèvement, Collection, Maladie, Nature, Type de prélèvement, Statut juridique, Nb. échantillons, Diagnostic, Echantillons stockés.	<input checked="" type="checkbox"/>	▲ ▼	Editer les colonnes
AP_SEP (Annotations) Contenu : 01 - Protocole, 02 - Numéro EDMUS, 02 : certain/probable /suspecté ?, 05 : Etat du patient, 06 : Date de l'état, Date de mise à jour des annotations, ID mise à jour.	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	

Enregistrer Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom du modèle *	Nom du modèle	Texte
Type d'objet à imprimer *	Type d'objet à imprimer	Patient Prélèvement Echantillon Dérivé Cession
Description	Description du modèle	Texte
En tête de page	En tête de page du modèle	Texte
Pied de page	Pied de page du modèle	Texte
Informations principales		Case cochée ou décochée
Médecins référents		Case cochée ou décochée
Informations maladies		Case cochée ou décochée
Informations prélèvements		Case cochée ou décochée
Annotations		Case cochée ou décochée

❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la création d'un modèle d'impression.

3.3.3.2. Modifier des tableaux des blocs d'impression :

- ❖ Cliquez sur « **Editer les colonnes** » pour modifier le tableau du bloc d'impression.


Exemple du bloc patient :

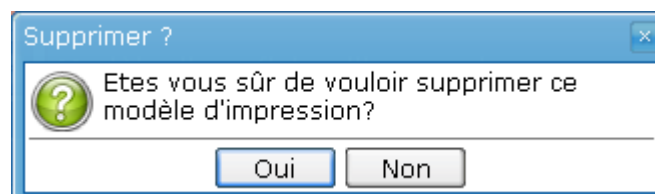


- ❖ Cochez les colonnes que vous souhaitez imprimer et décochez les autres.
- ❖ A l'aide des flèches sur le côté, vous pouvez modifier l'ordre des colonnes.

3.3.3.3. Supprimer les modèles d'impression :

- ❖ Cliquez sur le nom du modèle d'impression dans le menu « Impression ».

- ❖ Cliquez sur «  Supprimer », le message suivant apparaît alors :



- ❖ Cliquez sur « Oui » pour valider la suppression.

3.3.4. Menu Imprimantes


Ce module permet de paramétrer les imprimantes reconnues par le serveur qui héberge TumoroteK, ainsi que de gérer les modèles d'étiquettes pour cryotubes. Pour être utilisées, les étiquettes devront ensuite être affectées par compte et par collection dans le menu « comptes ».

❖ Cliquez sur le lien « Imprimantes » de l'onglet « Administration » pour accéder au menu.

Paramétrage des imprimantes pour étiquettes



☒ Imprimantes définies dans le système (4)

Nom	Abscisse	Ordonnée	Largeur	Longueur	Orientatio	Api d'impressio	
neurobiotec	0	30	72	150	portrait	tumo	✗
neurobiotec1	0	65	72	150	portrait	tumo	✗
Z4M CHLS	0	65	72	150	portrait	tumo	✗
Z4M XR	0	30	72	150	portrait	tumo	✗

 Ajouter une imprimante

☒ Modèles d'étiquettes configurés (4)

Nom	Type de modèle	Texte libre	Modèle pré-défini	
CHLS	Etiquette	Tumorotèque CHLS	Oui	✗
NBT	Etiquette	NeuroBioTec	Oui	✗
NBT-MB	Etiquette	NeuroBioTec	Oui	✗
XR	Etiquette	tumorotheque XR	Oui	✗

 Ajouter un modèle pré-défini  Ajouter un modèle paramétrable

Ce menu contient la liste des imprimantes / les modèles d'étiquettes / l'affectation des imprimantes utilisées dans le système. Vous pouvez :

- Ajouter / modifier / supprimer les imprimantes.
- Ajouter / modifier / supprimer un modèle d'étiquettes pour cryotubes.

3.3.4.1. Ajouter une imprimante :

❖ Cliquez sur «  Ajouter une imprimante ».

❖ La fenêtre suivante s'ouvre :

Paramétrage des imprimantes pour étiquettes

Imprimante à paramétrer *

Unité : le 1/72ème de pouce, sachant que 1 pouce = 2.54 cm.

Abscisse d'origine *



Ordonnée d'origine *

Largeur d'impression *

Longueur d'impression *


Orientation *

Api d'impression *

 Enregistrer  Annuler

❖ Complétez les informations :

Champ de saisie	Description	Valeur
Imprimante à paramétrer *	Nom de l'imprimante à paramétrer	Imprimantes détectées sur le réseau
Abscisse d'origine *	Abscisse d'origine	Numérique
Ordonnée d'origine *	Ordonnée d'origine	Numérique
Largeur d'impression *	Largeur de l'étiquette	Numérique
Longueur d'impression *	Longueur de l'étiquette	Numérique
Orientation *	Orientation	Paysage Portrait
Api d'impression *	Sélection de l'impression directe ou via Api Modulbio	mbio tumo

❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider l'ajout d'une nouvelle imprimante.

3.3.4.2. Ajouter un modèle d'étiquette :

3.3.4.2.1. Ajouter un modèle pré-défini :

Le modèle prédéfini correspond au modèle de l'étiquette de TK V1. Le texte libre est la dernière ligne de l'étiquette.

❖ Cliquez sur «  **Ajouter un modèle pré-défini** ».

Définition d'un modèle d'étiquettes



Toutes les étiquettes basées sur ce modèle pré-défini auront le même contenu et la même forme.

Nom *




Texte libre

Type de modèle *

Exemple d'une étiquette utilisant ce modèle :




 Prél: PRLVT

 Tubes: 1
 Type: SANG
 Patient: VEN
 Date Cong: 06/2010
 Quantité: 10 mg
 Texte Libre

Cette étiquette contient le code du prélèvement parent, le numéro de l'échantillon (ou du dérivé), son type, le patient, la date de congélation, la quantité et un texte libre (que vous pouvez définir).
 Les codes-barres sont basés sur le code du prélèvement et le numéro de l'échantillon (ou du dérivé).

 Tester une impression
  Enregistrer
  Annuler

- ❖ Complétez les informations :

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom du modèle d'étiquette	Texte
Texte libre	Information libre de l'étiquette	Texte
Type de modèle *	Type de modèle d'étiquette	Bon Livraison (non fonctionnel) Etiquette

- ❖ Cliquez sur «  Tester une impression » pour imprimer un exemple d'étiquette en pdf.
- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider le modèle d'étiquette.

3.3.4.2.2. Ajouter un modèle paramétrable (**nouveauté V2**):

- ❖ Cliquez sur «  **Ajouter un modèle paramétrable** ».

Définition d'un modèle paramétrable d'étiquettes


Le contenu des étiquettes basées sur ce modèle est entièrement paramétrable.
Pour cela, vous devez définir les lignes qui la composeront.


Nom *


Type de modèle *


Contenu des étiquettes utilisant ce modèle :

Entête	Contenu			


Tester une impression


Ajouter une ligne


Enregistrer


Annuler

- ❖ Complétez les informations :

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom du modèle d'étiquette	Texte
Type de modèle *	Type de modèle d'étiquette	Bon Livraison (non fonctionnel) Etiquette

- ❖ Cliquez sur «  Ajouter une ligne ».

3.3.4.2.2.1. Définir une ligne contenant du texte :

- ❖ Cliquez sur «  Définir une ligne contenant du texte ».

Définition d'une ligne d'étiquette

☒ Définir une ligne contenant du texte
☐ Définir une ligne contenant un code-barres

Définition du contenu de la ligne

Entête


Contenu

Police Times New Roman ▼

Style Normal ▼

Taille 4 ▼

Champs dynamiques composants la ligne

Ajouter un champ pour l'impression d'un : ▼  Ajouter

Entité ▼ Champ ▼

Formatage Aucun formatage ▼

Champ	Formatage	Impression obj		


Enregistrer Annuler

- ❖ Complétez les informations concernant le contenu fixe de la ligne :

Champ de saisie	Description	Valeur
Entête	Entête de la ligne	Texte
Contenu	Contenu de la ligne	Texte
Police	Police de la ligne	Thésaurus
Style	Style de la ligne	Thésaurus
Taille	Taille de la police	Thésaurus

- ❖ Complétez les informations concernant les champs dynamiques de la ligne.

Champ de saisie	Description	Valeur
Ajouter un champ pour l'impression d'un	Choix du type d'aliquot	Echantillon ProdDerive
Entité	Choix de l'entité	Thésaurus
Champ	Choix du champ de l'entité	Thésaurus
Formatage	Type de formatage	Thésaurus

- ❖ Cliquez sur «  Ajouter » pour chaque nouveau champ.

Remarques :

- Le formatage permet de n'imprimer qu'une partie du champ (*par exemple pour n'imprimer que le numéro de l'échantillon, mettre après le caractère « . » du code échantillon*)
- Il est possible de mettre plusieurs champs sur une ligne (*par exemple nom et prénom*)

- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la saisie.


3.3.4.2.2. Définir une ligne contenant un code-barres :

- ❖ Cliquez sur le lien «  Définir une ligne contenant un code-barre ».

Définition d'une ligne d'étiquette

☐ Définir une ligne contenant du texte
☒ Définir une ligne contenant un code-barres



Champs dynamiques composants le code-barres

Ajouter un champ pour l'impression d'un :  Ajouter

Entité Champ


Formatage

Champ	Formatage	Impression obj		

 Enregistrer
  Annuler



- ❖ Complétez les informations concernant les champs dynamiques de la ligne.

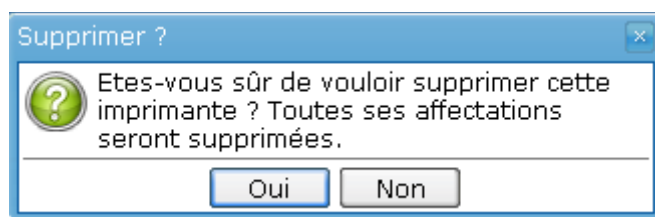
Champ de saisie	Description	Valeur
Ajouter un champ pour l'impression d'un	Choix du type d'échantillon	Echantillon ProdDerive
Entité	Choix de l'entité	Thésaurus
Champ	Choix du champ de l'entité	Thésaurus
Formatage	Type de formatage	Thésaurus

- ❖ Cliquez sur «  Ajouter » pour chaque nouveau champ.

- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la saisie.



3.3.4.3. Modifier ou supprimer une imprimante :

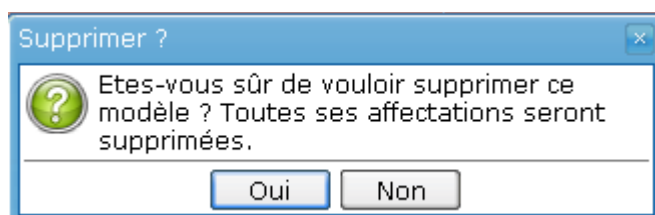
- ❖ Pour modifier une imprimante, cliquez sur son nom dans le menu « Imprimante ».
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour les enregistrer.
- ❖ Pour supprimer une imprimante, cliquez sur «  » au bout de la ligne de l'imprimante.
- ❖ Le message suivant apparaît :



- ❖ Cliquez sur « Oui » pour valider la suppression.

3.3.4.4. Modifier ou supprimer un modèle d'étiquette :

- ❖ Pour modifier un modèle d'étiquette, cliquez sur son nom dans le menu « Imprimante ».
- ❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour les enregistrer.
- ❖ Pour supprimer un modèle d'impression, cliquez sur «  » au bout de la ligne du modèle.
- ❖ Le message suivant apparaît :



- ❖ Cliquez sur « Oui » pour valider la suppression.

3.3.5. Menu Outils (fusion de patients) :

Ce module contient actuellement un utilitaire de fusion de 2 patients de l'application. Il s'agit en fait de rattacher les prélèvements d'un patient « erroné » (à supprimer) à un patient qui sera conservé, par exemple en cas de faute d'orthographe, d'erreur de date de naissance ou de changement de nom.

❖ Cliquez sur le lien « Outils » de l'onglet « Administration » pour accéder au menu.

Liste des outils

Fusion de patients

Cet outil va vous permettre de réaliser la **fusion de patients**. Pour cela vous devrez sélectionner deux patients : le premier sera **conservé**, le deuxième sera **supprimé**.
Les maladies, médecins, prélèvements et annotations du deuxième patient qui ne sont pas déjà associés au premier patient seront **transférés**.

Attention, cette opération est irréversible, le deuxième patient sera supprimé définitivement !

Sélection des patients à fusionner

Rechercher le patient :

Rechercher le patient :

Informations du patient qui sera conservé :

- N° Patient
- Nom usuel
- Nom patronymique
- Prénom
- Sexe
- Date de naissance
- Médecins référents
- Maladies
- Prélèvements

Informations du patient qui sera supprimé :

- N° Patient
- Nom usuel
- Nom patronymique
- Prénom
- Sexe
- Date de naissance
- Médecins référents
- Maladies
- Prélèvements

Fusionner les deux patients sélectionnés

Ce menu permet de fusionner les prélèvements de deux patients identiques.

- ❖ Recherchez les patients que vous désirez fusionner à l'aide des deux onglets « Rechercher le patient ».

Attention : Le premier onglet (à gauche) est le patient dont vous désirez conserver les informations et le second est le patient dont les informations seront supprimées.

- ❖ Lorsque vous avez rempli l'onglet « Rechercher un patient » avec le nom du patient, cliquez sur « », la page suivante s'affiche :

Informations patient

Sélectionnez le patient correspondant :


N° Patient	Nom usuel	Prénom	Sexe	Date de naissance	Prlvts
	RAYMOND	RAYMOND	M		1 ...
	CHARLES	CHARLES	M		2 ...
	CHRISTIANE	CHRISTIANE	F		2 ...
	LAURENT	LAURENT	F		1 ...
	GEORGES	GEORGES	M		1 ...
	DANIEL	DANIEL	M		2 ...
	HELENE	HELENE	F		1 ...
	NATHALIE	NATHALIE	F		4 ...
	MICHELE	MICHELE	F		2 ...
	JACQUELINE	JACQUELINE	F		2 ...



1 / 62 [1 - 10 / 613]

Sélectionner Annuler

- ❖ Choisissez le patient en cliquant sur son nom, puis cliquez sur « Sélectionner » en bas de la page. Les informations du patient sont alors présentes dans l'onglet correspondant.
- ❖ Une fois les deux patients sélectionnés, cliquez sur « Fusionner les deux patients sélectionnés ». Le message suivant s'affiche :

Fusionner ?

 **Etes-vous sûr de vouloir fusionner ces deux patients ? Cette opération sera irréversible !**

 Fusionner  Annuler

- ❖ Cliquez sur « Fusionner » pour terminer la fusion.

Remarque : Si les 2 patients ont 2 maladies différentes, le patient conservé aura alors 2 maladies.

3.3.6. Menu Statistiques :

Voir chapitre 7 « Générer des statistiques »

4.Utilisation de TumoroteK au quotidien :

Descriptif des fonctions de haut de page :



Chaque page contient les informations suivantes :

- ❖ Identification de la collection de travail
- ❖ Identification de la personne connectée
- ❖ Lien de sortie de l'application

TumoroteK est conçu autour de 9 menus accessibles par les onglets bleus situés en haut de chaque page. Le menu actif est visualisé en rouge.

Remarques :

- Le menu Administration est uniquement accessible aux personnes ayant des droits administrateur.
- Au démarrage de l'application l'onglet prélèvement est sélectionné par défaut.

4.1. Menu accueil :

- ❖ Cliquez sur l'onglet « Accueil » pour accéder au menu.

Accueil Patient Prélèvement Echantillon Dérivé Cession Stockage Recherche Administration

Nouvelles fonctionnalités

Évolutions générales :

- affichage simultané d'une liste de résultats et de leur fiche détaillée
- réorganisation des listes de résultats par ajout/suppression de colonnes
- saisie des annotations simultanée à la saisie des données des formulaires
- modifications multiples améliorées incluant les annotations

Ajouts de niveaux :

- Plateformes : regroupement de collections partageant les thésaurus et les tables d'annotations
- Maladies : regroupement des prélèvements d'un patient par maladie

Évolutions sur les prélèvements :

- création d'un prélèvement sans connaître forcément le patient
- meilleure traçabilité : précision de la stérilité et du lieu de congélation
- ajout du risque infectieux

Évolutions sur les échantillons :

- création d'un échantillon sans connaître forcément le prélèvement

Licence

CONTRAT DE LICENCE DE LOGICIEL LIBRE CeCILL

Avertissement

Ce contrat est une licence de logiciel libre issue d'une concertation entre ses auteurs afin que le respect de deux grands principes préside à sa rédaction:

* d'une part, le respect des principes de diffusion

Site communautaire

Pour toutes informations complémentaires concernant le projet **TumoroteK**, vous pouvez vous rendre sur notre site. Vous pourrez :

- Consulter les news, les documentations...
- Soumettre des idées d'évolutions, des correctifs.
- **Signaler un bug.**
- Contacter les responsables du projet.
- Etc...

Entrer ➔

Partenaires

- Assistance Publique - Hôpitaux de Paris
- Biobanking and Biomolecular Resources Research Infrastructure
- Inserm - BioBanques
- Inserm - U754
- Institut national du cancer (INCa)
- Neurobiotec
- Tumorothèque virtuelle Grand Sud-Ouest

Site : Hospices Civils de Lyon
Version du logiciel : 2.0.1
Dernière installation : 12/09/2011
Ministère de la Santé. Tous droits réservés.

Liberté • Égalité • Fraternité
RÉPUBLIQUE FRANÇAISE

ek
POWERED

- ❖ Ce menu contient :

- La description des nouvelles fonctionnalités de l'application
- La licence de l'application
- Le lien au site internet des utilisateurs de TumoroteK
- Les liens vers les sites des partenaires ou les liens utiles

4.2. Menu patient :

- ❖ Cliquez sur l'onglet « Patient » pour accéder au menu.

Ce menu liste les derniers patients enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- ① Ajouter un nouveau patient en cliquant sur « Nouveau ».
- ② Rechercher des patients en cliquant sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ».
- ③ Consulter / modifier / imprimer / supprimer un patient ou ajouter un nouveau prélèvement au patient en cliquant sur son nom dans la liste.
- ④ Exporter des données des patients ou réaliser des modifications multiples en cliquant sur « Action » puis « Exporter » ou « Modifications multiples ».

4.2.1. Ajouter un patient :

- ❖ Cliquez sur «  Nouveau » dans le menu patient.

Fiche Patient

N° Patient

Nom usuel * Nom patronymique


Prénom * Sexe *


Date de naissance * Ville de naissance



Pays de naissance Date de l'état

Etat du patient *

☒ Médecins référents(0)


 Ajout médecin référent



 Enregistrer  Annuler

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
N° Patient	Numéro d'identification unique du patient	Texte
Nom usuel *	Nom usuel du patient	Texte
Nom patronymique	Nom de naissance du patient	Texte
Prénom *	Prénom du patient	Texte
Sexe *	Sexe du patient	M F Indéterminé
Date de naissance *	Date de naissance du patient	Date au format JJ/MM/AAAA
Pays de naissance	Pays de naissance du patient	Texte
Ville de naissance	Ville de naissance du patient	Texte
Etat du patient * (Nouveauté V2)	Etat du patient	Vivant Décédé Inconnu
Date de l'état (Nouveauté V2)	Date à laquelle l'état du patient a été donné	Date au format JJ/MM/AAAA


❖ Cliquez sur «  Ajout médecin référent ». La page suivante s'affiche :

Ajout médecin référent

Recherche rapide

Recherche par Collaborateur

☐ Nom

 Rechercher

- 01 : HP BOURG EN BRESSE
- 02 : CH SAINT QUENTIN
- 03 : CHR MONTLUCON
- 03 : HP MOULINS
- 03 : HP VICHY
- 05 : HÔPITAL DES ESCARTONS
- 06 : CH ANTIBES
- 06 : CHU NICE (PASTEUR)
- 07 : HP ANNONAY
- 07 : HP AUBENAS
- 10 : CH TROYES
- 13 : CHU MARSEILLE (CONCEPTION)
- 13 : CHU MARSEILLE (HOPITAL NORD)
- 13 : CHU MARSEILLE (TIMONE)
- 14 : CHU CAEN (COTE DE NACRE)
- 15 : CHU AURILLAC
- 16 : CH ANGOULÊME
- 17 : CH LA ROCHELLE HÔPITAL SAINT LOUIS
- 21 : CHU DIJON
- 21 : CHU DIJON (BOCAGE)
- 22 : CH LANNION (PIERRE-LE-DAMANY)
- 22 : HÔPITAL YVES LE FOLL
- 25 : CH BESANCON (JEAN MINJOZ)
- 25 : CH MONTBELIARD
- 25 : LABORATOIRE LEIBOWITZ

Collaborateurs isolés (0)

Sélectionner

Rafraîchir

+ Création

- ❖ Choisissez un médecin en utilisant la recherche rapide ou l'arborescence, puis cliquez sur « Sélectionner ». Vous pouvez sélectionner plusieurs médecins.

- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer », après retour dans le menu patient, pour valider votre saisie.

Astuce : afin d'accélérer la saisie, vous pouvez utiliser le clavier et avancer dans les champs avec la touche de tabulation.

Remarques :

- pour saisir les annotations liées au patient, cliquer sur «  », en haut à droite de la page.

Attention : Les patients étant communs à toutes les collections, donc il est possible que le patient existe dans la base mais n'apparaisse pas si vous le recherchez dans votre collection. Il apparaîtra lorsque vous lui aurez associé des prélèvements.

4.2.2. Consulter / modifier / supprimer un patient :

- ❖ Cliquez sur le nom du patient pour consulter sa fiche.

Fiche Patient

N° Patient
 Nom usuel TOTO
 Prénom JEAN
 Date de naissance 06/09/2011
 Pays de naissance
 Etat du patient Vivant
 Nom patronymique
 Sexe M
 Ville de naissance
 Date de l'état

① Médecins référents(1)
 Pr BERGER

② Maladies(1) - Prélèvements(1)

NEW (1)
 Code diagnostic
 Date de début
 Date du diagnostic
 Médecins référents(0)

③ Prélèvements(1)

Date prél.	Code	Nature	Type	Organe	Diagnostic	Statut juridique	Nb échantillons Rest./Tot. (Stock.)
	TUM54615	CELLULES				EN ATTENTE	0 / 0 (0)

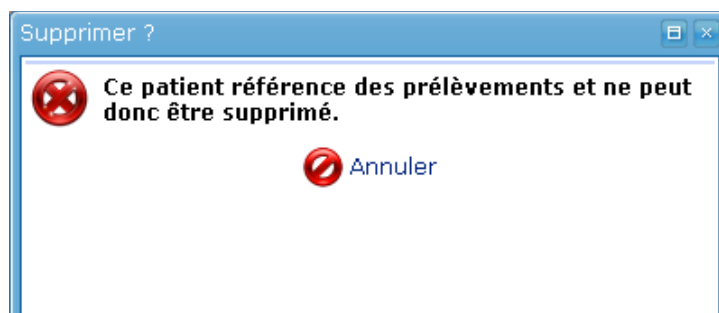
④ Modifier Nouveau prélèvement

⑦ ⑥ ⑧ ⑤

- ❖ Cette page permet de :

1. Connaître les informations administratives et les annotations du patient.
2. Voir la liste des maladies associées au patient avec les différents prélèvements.
3. Consulter un prélèvement en cliquant sur le code correspondant.
4. Ajouter un nouveau prélèvement en cliquant sur « Nouveau prélèvement ».
5. Ajouter une nouvelle maladie en cliquant sur « Nouvelle maladie ».
6. Modifier les informations en cliquant sur « Modifier ».
7. Imprimer la fiche en cours en cliquant sur « Action » puis « Imprimer ».
8. Supprimer le patient en cliquant sur « Supprimer ».



Important : Un patient peut être supprimé uniquement s'il n'est pas associé à un prélèvement. Dans le cas contraire, le message suivant s'affiche :



4.2.3. Créer/modifier une maladie (**Nouveauté V2**)


Le niveau maladie permet de regrouper des prélèvements pour un même patient.



Lors de la création d'un nouveau prélèvement pour un nouveau patient, par défaut la maladie est : INDETERMINEE, sauf paramétrage particulier de la collection (Cf administration)

- ❖ Pour rattacher une nouvelle maladie au patient, cliquez sur «  Nouvelle maladie ».
- ❖ Pour modifier une maladie existante, cliquez sur le lien «  Modifier » sous le tableau des prélèvements


SCLEROSE EN PLAQUES (6)

Libellé *



Code diagnostic  Choisir depuis codifications

Date de début  Date du diagnostic 

☒ Médecins référents (1)



Pr **CONFAYREUXX** CHRISTIAN NEUROLOGIE  Ajout médecin référent

 Tout sélectionner

 Valider  Annuler

- ❖ Saisir les informations suivantes :

Champ de saisie	Description	Valeur
Libellé *	Libellé de la maladie, renseigné automatiquement si on sélectionne un code CIM10 du catalogue	Texte libre ou libellé CIM10
Code diagnostic	Code CIM10, renseigné automatiquement si on sélectionne un code CIM10 du catalogue	Texte libre ou code CIM10
Date de début	Date de début de la maladie	Date au format JJ/MM/AAAA
Date de diagnostic	Date de diagnostic de la maladie	Date au format JJ/MM/AAAA
Médecins référents	Médecins référents de la maladie	Collaborateurs enregistrés dans la base (3 maximums)

- ❖ Cliquer sur «  Choisir depuis codification » pour choisir et importer un code maladie dans la liste des codes du système (**voir chapitre 7**)
- ❖ Cliquer sur «  Valider » pour enregistrer la maladie

4.2.4. Créer un nouveau prélèvement pour ce patient :

- ❖ Cliquer sur « Nouveau prélèvement ».

Vous basculez sur la page prélèvement (voir Chapitre 4.3.1)

4.2.5. Imprimer la fiche patient :

- ❖ Cliquez sur « Action » puis « Imprimer ».

Impression du patient TOTO JEAN

Choisir un modèle d'impression Définir un nouveau modèle ▼

Type d'objet à imprimer Patient

Nom du fichier d'impression * patient.pdf

Format d'impression * PDF ▼

En-tête de la page

Pied de page

Imprimer l'historique ☐

☒ Paragraphes de la fiche d'impression

Blocs d'impression	Imprimer		
Informations principales	<input checked="" type="checkbox"/>		▼
Médecins référents (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Informations maladies (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Informations prélèvements (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
INCa-Patient (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
AP_TUM (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Historique annotations (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	

Imprimer

- ❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Choisir un modèle d'impression	Modèle d'impression prédéfini	Thésaurus
Nom du fichier d'impression *	Nom du fichier d'impression	Texte
Format d'impression *	Format d'impression de la fiche	PDF HTML
En-tête de la page	Informations en en-tête de la page	Texte
Pied de page	Informations en pied de page	Texte
Imprimer l'historique	Imprimer l'historique du patient	Case cochée ou décochée

Informations principales	Imprimer les informations principales du patient	Case cochée ou décochée
Médecins référents (Liste d'éléments)	Imprimer les médecins référents du patient	Case cochée ou décochée
Informations maladies (Liste d'éléments)	Imprimer les informations maladies du patient	Case cochée ou décochée
Informations prélèvements (Liste d'éléments)	Imprimer les informations prélèvements du patient	Case cochée ou décochée
Nom table d'annotation	Imprimer les annotations du patient	Case cochée ou décochée
Historique annotations (Annotations)	Imprimer l'historique des annotations du patient	Case cochée ou décochée

❖ Cliquez sur «  Imprimer ».

4.2.6. Rechercher un patient :

❖ Depuis la page prélèvement, cliquez sur «  Rechercher » ou «  Recherche avancée ». Plus de détail, voir chapitre 5 les interfaces de recherche.

4.3. Menu prélèvement :

❖ Cliquez sur l'onglet « Prélèvement » pour accéder au menu.

■		Code	Patient	Maladie	Date prél.	Nature	Diagnostic	Nb échantillons Rest./Tot. (Stock.)	Statut juridique
<input type="checkbox"/>		SEP40044	LYON16197 ALAIN	sclérose en plaques	19/06/2013 07:00	SANG		0 / 0 (0)	RECHERCHE
<input type="checkbox"/>	⑥	SEP4004LY	LYON4410 BERTRAND	Inconnu	16/04/2013 15:30	SANG	EN ATTENTE ...	2 / 2 (2)	RECHERCHE
<input type="checkbox"/>		SEP4004S	LYON4410 BERTRAND	Inconnu	16/04/2013 15:30	SANG	EN ATTENTE ...	5 / 5 (5)	RECHERCHE
<input type="checkbox"/>		SEP4003LY	LYON16193 BENOIT	SCLÉROSE EN PLAQUES	16/04/2013 08:00	SANG	EN ATTENTE ...	3 / 3 (3)	RECHERCHE
<input type="checkbox"/>		SEP4003S	LYON16193 BENOIT	SCLÉROSE EN PLAQUES	16/04/2013 08:00	SANG	EN ATTENTE ...	4 / 4 (4)	RECHERCHE
<input type="checkbox"/>		SEP4002S	LYON15236 ELODIE	SCLÉROSE EN PLAQUES	16/04/2013 09:50	SANG	EN ATTENTE ...	6 / 6 (6)	EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>		SEP4001S	LYON10832 SOUMICHA	SCLÉROSE EN PLAQUES	16/04/2013 12:00	SANG	EN ATTENTE ...	6 / 6 (6)	EN ATTENTE

Recherche rapide
☐ Prélèvements saisis
☐ Code ou N° Laboratoire
☐ Patient

Ce menu liste les prélèvements enregistrés dans le système. Vous pouvez :




- ① Choisir la période d'affichage en cliquant sur le thésaurus (depuis 1 jour, 10 jours, 30 jours, les 30 derniers)
- ② Créer un nouveau prélèvement en cliquant sur « Nouveau ».
- ③ Rechercher des prélèvements en cliquant sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ».
- ④ Consulter / modifier / imprimer / supprimer un prélèvement en cliquant sur son code dans la liste.
- ⑤ Exporter des données des prélèvements ou réaliser des modifications multiples en cliquant sur « Action » puis « Exporter » ou « Modifications multiples ».
- ⑥ Visualiser la conformité des prélèvements à l'arrivée à la biothèque

Remarque : Si la ligne apparaît en rouge, cela signifie qu'aucun échantillon n'est rattaché au prélèvement

③ 4.3.1. Créer un prélèvement :

La saisie d'un prélèvement se fait sur 3 pages qui correspondent à trois étapes :



- Réalisation du prélèvement.
- Transfert du site préleveur vers le site de stockage
- Transformation en échantillons

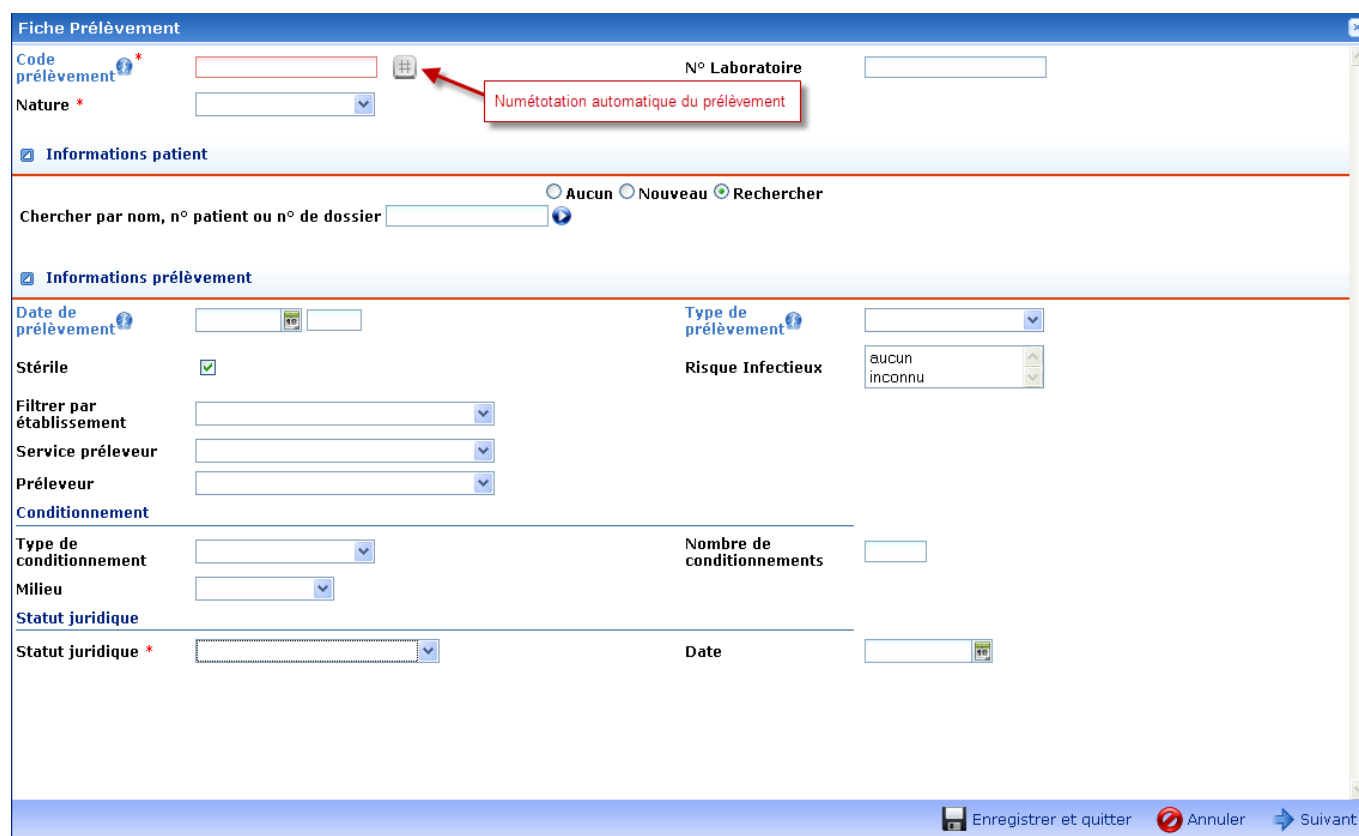
❖ Les liens «  Suivant » et «  Retour » permettent de se déplacer dans les niveaux. Vous pouvez à chaque niveau cliquer sur «  Enregistrer » pour ajouter le prélèvement.

Remarque : La saisie du prélèvement peut se faire en plusieurs temps en fonction de votre mode de travail et des informations disponibles :

- 1 / saisie du prélèvement sans les échantillons
- 2 / saisie des échantillons et des codes associés sans leurs emplacements
- 3 / saisie des emplacements de stockage

4.3.1.1. Page « Prélèvement » :

❖ Cliquez sur «  Nouveau » dans le menu « Prélèvement » ou sur le lien «  Nouveau prélèvement » dans la page de consultation d'un patient.





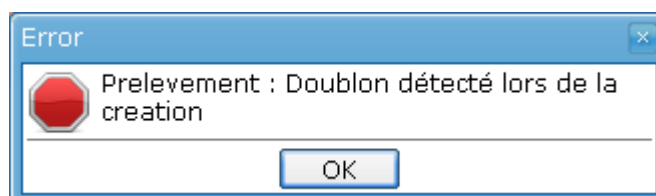
❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Code prélèvement *	Code du prélèvement (contrôle de doublon par collection)	Automatique ou Alphanumérique
N° Laboratoire	Numéro du laboratoire d'analyse du prélèvement (si différent du code prélèvement)	Alphanumérique
Nature *	Nature du prélèvement	Thésaurus
Information patient	Rechercher un patient ou créer un nouveau patient (voir chapitre 4.2.1) ou n'attribuer aucun patient au prélèvement (Nouveauté V2)	Texte
Date et heure de prélèvement	Date et heure de prélèvement	Date au format JJ/MM/AAAA
Type de prélèvement	Type de prélèvement	Thésaurus

Stérile	Stérilité du prélèvement	Case cochée ou décochée
Risque infectieux (Nouveauté V2)	Risque infectieux du prélèvement	Thésaurus
Etablissement	Etablissement dans lequel a été réalisé le prélèvement	Etablissements enregistrés dans la base
Service préleveur	Service dans lequel a été réalisé le prélèvement	Services enregistrés dans la base, filtrés en fonction de l'établissement
Préleveur	Collaborateur ayant prélevé le patient	Collaborateurs enregistrés dans la base filtrés en fonction du service
Type de conditionnement	Type de conditionnement du prélèvement	Thésaurus
Nombre de conditionnements	Nombre de conditionnements reçus	Numérique
Milieu	Milieu de conditionnement du prélèvement	Thésaurus
Statut juridique	Type du statut juridique lié au prélèvement	Thésaurus
Date	Date du statut juridique	Date au format JJ/MM/AAAA


Remarques :

- Si vous accédez à cette page depuis l'onglet patient, toutes les informations du patient sont automatiquement renseignées et non modifiables.
- Si le patient existe déjà dans la base, vous devez le rechercher en utilisant le lien « Rechercher » dans l'onglet « Information patient ».
- Pour saisir les annotations liées au prélèvement, cliquer sur le lien «  », en haut à droite de la page.
- Dans le cas où vous avez paramétré la numérotation automatique du code prélèvement, il suffit de cliquer sur «  » pour attribuer le numéro suivant au prélèvement. Vous avez toujours la possibilité d'entrer un code libre si nécessaire en le tapant directement dans la case.
- A l'enregistrement, TumoroteK recherche automatiquement si le code prélèvement existe déjà dans la base. Si c'est le cas, le message suivant apparaît, et il n'y a pas d'enregistrement du nouveau prélèvement.



Attention : L'établissement est un filtre qui ne sera sauvegardé que si vous renseignez le service


4.3.1.2. Page « Analyse et conditionnement » :

❖ Cliquez sur le lien «  Suivant ».

Transfert du site préleveur vers le site de stockage

Code prélèvement : TUM12576 Nature : ÉPANCHEMENT PLEURAL

Départ du site préleveur

Date de départ : 

Transporteur :


Temp. de transport : °C


Congelation au prélèvement : ☐


Sites intermédiaires

Date d'arrivée	Date de départ	Site intermédiaire	Temp. de trans

Arrivée au site de stockage

Date d'arrivée : 

Opérateur :  [Aide à la saisie](#)

Quantité : 

Congelation à l'arrivée à la biothèque : ☐ Conforme à l'arrivée : ☐

Ajouter un site intermédiaire Enregistrer et quitter Annuler Retour Suivant

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Date et heure de départ du site préleveur	Date et heure de départ	Date au format JJ/MM/AAAA hh:mm
Transporteur	Transporteur	Thésaurus
Température de transport	Température de transport	Thésaurus
Congelation au prélèvement (Nouveauté V2)	Congelation sur le site du prélèvement	Case cochée ou décochée
Date et heure d'arrivée au site de stockage	Date et heure d'arrivée	Date au format JJ/MM/AAAA hh:mm
Opérateur	Collaborateur ayant reçu le prélèvement	Thésaurus
Quantité	Quantité totale de prélèvement	Numérique
Congelation à l'arrivée à la biothèque (Nouveauté V2)	Congelation à l'arrivée à la biothèque	Oui ou non
Conforme à l'arrivée (Nouveauté V2)	Prélèvement conforme à l'arrivée à la biothèque	Case cochée ou décochée




Remarque : Si la case prélèvement conforme = non est cochée, vous pourrez renseigner la raison de la non-conformité (thesaurus à paramétrer) :

☐ Oui ☒ Non

Conforme à l'arrivée

absence de traçabilité
 erreur d'identification
 erreur de contenant

❖ Pour ajouter un site intermédiaire, cliquez sur «  Ajouter un site intermédiaire ».

Sites intermédiaires				
	Date d'arrivée	Date de départ	Site intermédiaire	Temp. de trans
				
Etablissement	<input type="text"/>			
Site intermédiaire	<input type="text"/>			
Operateur	<input type="text"/>			
Arrivée au site				
Date d'arrivée	<input type="text"/>		<input type="text"/>	
Temp. de conservation	<input type="text"/>	°C		Stérile <input checked="" type="checkbox"/>
Congélation réalisée sur ce site	<input type="checkbox"/>			
Départ du site				
Date de départ	<input type="text"/>		<input type="text"/>	
Transporteur	<input type="text"/>			
Temp. de transport	<input type="text"/>	°C		

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Etablissement	Etablissement par lequel le prélèvement a transité	Etablissements enregistrés dans la base
Site intermédiaire	Service par lequel le prélèvement a transité	Services enregistrés dans la base, filtrés sur l'établissement
Opérateur	Collaborateur ayant géré le prélèvement	Collaborateurs enregistrés dans la base, filtrés sur le service
Date et heure d'arrivée au site	Date et heure d'arrivée	Date au format JJ/MM/AAAA
Température de conservation	Température de conservation	Thésaurus
Stérile	Stérilité du prélèvement dans le site intermédiaire	Case cochée ou décochée
Congélation réalisée sur ce site (Nouveauté V2)	Congélation réalisée sur ce site	Case cochée ou décochée
Date et heure de départ du site	Date et heure de départ	Date au format JJ/MM/AAAA
Transporteur	Transporteur	Thésaurus
Température de transport	Température de transport	Thésaurus

Remarque : Vous pouvez ajouter plusieurs sites intermédiaires.


4.3.1.3. Page « Stockage » :

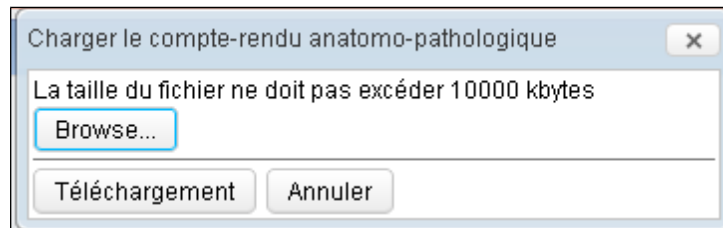
❖ Cliquez sur «  Suivant ».





Gestion des échantillons										
Code prélèvement	TUM12576									
Nature	ÉPANCHEMENT PLEURAL									
<input checked="" type="checkbox"/> Informations échantillons										
<input type="checkbox"/> Modifier le type de numérotation N° échantillons(s) * TUM12576 . <input type="text"/> à <input type="text"/> Type * <input type="text"/> Quantité initiale <input type="text"/> <input type="text"/> Mode de préparation <input type="text"/> Date de stockage <input type="text"/> <input type="text"/> Opérateur <input type="text"/> Aide à la saisie Qualité <input type="text"/> Conforme après traitement <input type="checkbox"/> Conforme à la cession <input type="checkbox"/> <input checked="" type="checkbox"/> Informations complémentaires										
CR Ana. path.	Tumoral <input type="checkbox"/>									
Organe	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Code</th> <th>Libelle</th> <th>Export</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Favoris</td> <td><input type="text"/></td> <td><input type="button" value="Nouveau code"/></td> </tr> <tr> <td colspan="2"></td> <td><input type="button" value="Ajout codes depuis Codifications"/></td> </tr> </tbody> </table>	Code	Libelle	Export	Favoris	<input type="text"/>	<input type="button" value="Nouveau code"/>			<input type="button" value="Ajout codes depuis Codifications"/>
Code	Libelle	Export								
Favoris	<input type="text"/>	<input type="button" value="Nouveau code"/>								
		<input type="button" value="Ajout codes depuis Codifications"/>								
Latéralité	<input type="text"/>									
Codes Lésionnels	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Code</th> <th>Libelle</th> <th>Export</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Favoris</td> <td><input type="text"/></td> <td><input type="button" value="Nouveau code"/></td> </tr> <tr> <td colspan="2"></td> <td><input type="button" value="Ajout codes depuis Codifications"/></td> </tr> </tbody> </table>	Code	Libelle	Export	Favoris	<input type="text"/>	<input type="button" value="Nouveau code"/>			<input type="button" value="Ajout codes depuis Codifications"/>
Code	Libelle	Export								
Favoris	<input type="text"/>	<input type="button" value="Nouveau code"/>								
		<input type="button" value="Ajout codes depuis Codifications"/>								

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Informations échantillons		
N° échantillon (s) *	Numéro des échantillons correspondants	Numérique
Type *	Type d'échantillon	Thésaurus paramétrable
Quantité initiale	Quantité initiale par échantillon	Choisir l'unité dans le thésaurus
Mode de préparation (Nouveauté V2)	Mode de préparation de l'échantillon	Thésaurus
Stérile	Stérilité de l'échantillon	Case cochée ou décochée
Date et heure de stockage	Date et heure de stockage des échantillons	Date au format JJ/MM/AAAA
Délai de congélation	Délai de congélation en heures et minutes	Calcul automatique
Opérateur	Collaborateur ayant congelé les échantillons	Collaborateurs enregistrés dans la base
Qualité	Qualité de l'échantillon	Thésaurus paramétrable
Conforme après traitement (Nouveauté V2)	Conforme après traitement	Oui ou non (si non, thésaurus paramétrable)
Conforme à la cession (Nouveauté V2)	Conforme à la cession	Oui ou non (si non, thésaurus paramétrable)
Informations complémentaires		
Tumoral (Nouveauté V2)	Echantillon tumoral	Case cochée ou décochée
Latéralité	Latéralité	Indéterminée Droite Gauche Bilatérale

- ❖ Cliquez sur «  » pour importer le compte rendu anatomopathologique. Le message suivant apparaît. Choisissez votre fichier puis cliquez sur « Téléchargement ».



- ❖ Cliquez sur «  Nouveau code » ou «  Ajouter codes depuis codifications » pour ajouter les codes organe et / ou les codes lésionnel.
- Si vous cliquez sur «  Nouveau code », vous pourrez saisir un code et un libellé.
- Si vous cliquez sur «  Ajouter codes depuis codifications », vous utilisez le module de codage intégré à l'application (chapitre 7)

Remarques :

- Le numéro échantillon est rajouté automatiquement au code prélèvement pour donner le code échantillon mais celui-ci reste modifiable.
- Le délai de congélation est celui entre la date et l'heure de la réalisation du prélèvement et la date et l'heure de la congélation. Il est calculé automatiquement si ces champs sont renseignés
- La taille du compte rendu anatomopathologique ne soit pas excéder 10 Mo, il sera conservé sur le serveur qui héberge l'application.

- ❖ Cliquez sur «  Ajouter à la liste »

Les informations concernant les échantillons sont reportées dans le tableau en bas de page.

Code	Organe	Codes Lésionnels	Type	Quantité	Emplacement	Statut	
TUM8765.1	NHIV3	N7V0	SALIVE	1.0 ml		NON STOCKE	✖
TUM8765.2	NHIV3	N7V0	SALIVE	1.0 ml		NON STOCKE	✖
TUM8765.3	NHIV3	N7V0	SALIVE	1.0 ml		NON STOCKE	✖
TUM8765.4	NHIV3	N7V0	SALIVE	1.0 ml		NON STOCKE	✖
TUM8765.5	NHIV3	N7V0	SALIVE	1.0 ml		NON STOCKE	✖

Remarque : en cas d'erreur, vous pouvez effacer les échantillons en cliquant sur la croix rouge de la ligne à droite du tableau.

- ❖ Cliquez sur «  Stockage manuel » pour stocker les échantillons. La page suivante s'affiche :

Liste des conteneurs

Congél II (TUM, DEM, NPD, MYA, PDM, MPR)

Congélateur -20°C n°2

- Tir1 [1143]
- Tir2 [1215]
- Tir3 [1215]

Congélateur III (1-60 DEM TUM SEP SNP)

- Cas1 TUM1-60 [192]
 - Tir1 TUM1-15 [19]
 - TUM01 [0]
 - TUM02 [1]
 - TUM03 [0]
 - TUM04 [1]
 - TUM05 [0]
 - TUM06 [3]
 - TUM07 [4]
 - TUM08 [1]
 - TUM09 [1]
 - TUM10 [0]
 - TUM11 [0]
 - TUM12 [0]
 - TUM13 [0]
 - TUM14 [3]
 - TUM15 [5]
 - Tir2 TUM16-30 [24]
 - Tir3 TUM31-45 [128]
 - Tir4 TUM46-60 [21]
- Cas2 DEM1-60 [37]
- Cas3 SEP1-60 [107]
- Cas4 SNP1-60 [813]

Congélateur IV (SEP, PNP, MOP)

Congélateur V (SNP, SCZ, DIA, ST)

Congélateur VI (AUT ...)

Conteneur A (SEP)

Conteneur B (TUM suite)

Activer le filtre des places vides

Stockage des échantillons et des produits dérivés

Sélection des emplacements de stockage :

Boîte : TUM07

1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	2	3	4	5	6	7	8	9
2	3	4	5	6	7	8	9	
3	4	5	6	7	8	9		
4	5	6	7	8	9			
5	6	7	8	9				
6	7	8	9					
7	8	9						
8	9							
9								

Déplacements réalisés

Sélectionner un objet : TUM12576.1


Saisir une coordonnée : Ligne 1 - Colonne 1

Code	Type		Nouvelle adresse
TUM12576.1	Echantillon	→	
TUM12576.2	Echantillon	→	

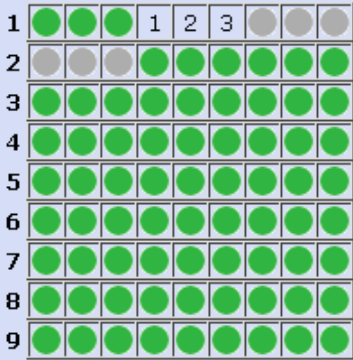
Enregistrer Annuler

Astuces :

- Au niveau de l'arborescence, le nombre entre crochets à chaque niveau, indique le nombre d'emplacements libres restants.
- Afin d'optimiser le rangement, vous pouvez afficher uniquement les boites ayant des places vides en cliquant sur le lien en bas à gauche de l'écran. (**Nouveauté V2.0.9**)
- Seuls les containers et les boites associées à la collection apparaissent si vous l'avez spécifié (module « Collection » de l'onglet « Administration »).

- ❖ Sélectionner la boîte de stockage en utilisant l'arborescence
- ❖ Cliquer sur les emplacements souhaités pour chaque échantillon, les emplacements sont reportés dans le tableau des échantillons.
- ❖ Sauvegarder le prélèvement et les échantillons en cliquant sur «  Enregistrer ».
- ❖ Une fiche de stockage imprimable apparaît, qui indique la marche à suivre pour stocker vos échantillons.

Fiche de stockage pour les nouveaux échantillons

Visualisation de la boîte		Instructions
Boîte : TUM72 1 2 3 4 5 6 7 8 9  ● : Emplacement pris ○ : Emplacement vide 1, 2, 3,... : Emplacement(s) où il faut insérer les nouveaux échantillons		Ouvrir le conteneur n° II. Ouvrir le compartiment n° C2. Ouvrir le compartiment n° Tir1. Ouvrir la boîte n° TUM72. Placer les nouveaux échantillons.
Placement des échantillons		
		1 : Echantillon n° : TUM6543.1 2 : Echantillon n° : TUM6543.2 3 : Echantillon n° : TUM6543.3

❖ Dans une nouvelle fenêtre apparaît le message suivant : « Voulez-vous saisir d'autres prélèvements pour ce patient ? ».


En cas de réponse positive, une nouvelle fiche de prélèvement apparaît, avec des champs pré-remplis avec les renseignements de la fiche précédente, afin de faciliter la saisie (informations patient, prélèvement, conditionnement, statut juridique, sites intermédiaires et transport).

Remarque : Si les emplacements des échantillons sont inconnus au moment de la saisie, vous pouvez saisir les informations de stockage dans un second temps. Les échantillons auront alors un statut « NON STOCKE »

4.3.2. Consulter / Modifier / Supprimer un prélèvement :

- ❖ Cliquez sur le code du prélèvement pour consulter sa fiche.

Fiche Prélèvement

Code prélèvement  TUM546156 N° Laboratoire

Nature CELLULES

☒ Informations patient

N° Patient N° de dossier patient

Nom usuel TOTO Prénom JEAN

Date de naissance 06/09/2011 Sexe M

Libellé NEW Code diagnostic

☒ Informations prélèvement

Date de prélèvement 14/09/2011 12:00 Type de prélèvement ASPIRATION

Stérile Oui Risque Infectieux

Etablissement 69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE

Service préleveur NEUROCHIRURGIE A (U300-U400)

Préleveur

Conditionnement

Type de conditionnement TUBE Nombre de conditionnements 3

Milieu CITRATE

Statut juridique

Statut juridique EN ATTENTE Date

☒ Transfert du site préleveur vers le site de stockage

Départ du site préleveur

Date de départ 14/09/2011 13:00

Transporteur PERSONNEL BIOTHÈQUE Temp. de transport 20.0

Sites intermédiaires

Date d'arrivée	Date de départ	Site intermédiaire	Température
14/09/2011	14/09/2011	GHE : CENTRE DE TRI	20.0

Arrivée au site de stockage

Date d'arrivée 14/09/2011 15:00 Opérateur

Quantité - Conforme à l'arrivée Oui

☒ Echantillons (2)



Code	Date de stockage	Organe	Code lésionnel	Type	Quantité	Statut	Emplacement
TUM546156.1				CELLULES	- / -	NON STOCKE	
TUM546156.2				CELLULES	- / -	NON STOCKE	

Tout sélectionner

☒ Produits dérivés (0)

Actions Nouveau Modifier Supprimer Dérivés/Echantillons

❖ Cette page permet de :

1. Consulter les informations du patient, de la maladie, du prélèvement, des échantillons et produits dérivés correspondants,
2. Consulter les annotations « prélèvement » en cliquant sur «  »,
3. Modifier le prélèvement en cliquant sur «  Modifier »,
4. Modifier un ou plusieurs échantillons (chapitre 6.1),
5. Rajouter des échantillons ou des produits dérivés en cliquant sur « Dérivés/Echantillons » puis « Ajout échantillons » ou « Ajout dérivés »,
6. Imprimer la fiche du prélèvement en cliquant sur « Actions » puis « Imprimer »,
7. Supprimer le prélèvement et tous les échantillons et dérivés correspondants en cliquant sur « Supprimer »,
8. Changer un prélèvement de collection en cliquant sur « Actions ».

Remarque : « Supprimer », « Changer de collection », « Modifier » n'apparaissent que si l'utilisateur est autorisé à réaliser ces actions.

4.3.3. Imprimer la fiche prélèvement :

- ❖ Cliquez sur «  Actions » puis « Imprimer ».

Impression du prélèvement TUM546156

Choisir un modèle d'impression Définir un nouveau modèle ▼

Type d'objet à imprimer Prelevement

Nom du fichier d'impression * prelevement.pdf












Format d'impression * PDF ▼


En-tête de la page

Pied de page

Imprimer l'historique ☐

☒ Paragraphes de la fiche d'impression

Blocs d'impression	Imprimer		
 Informations principales	<input checked="" type="checkbox"/>		▼
 Informations patient	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Informations prélèvement	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Transfert du site préleveur vers le site de stockage	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Informations échantillons (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Informations produits dérivés (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 INCa-Prélèvement (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 APR_TUM (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Sérologies (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Traitement (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
 Historique annotations (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	

 Imprimer


- ❖ Choisir un modèle d'impression ou compléter les informations :

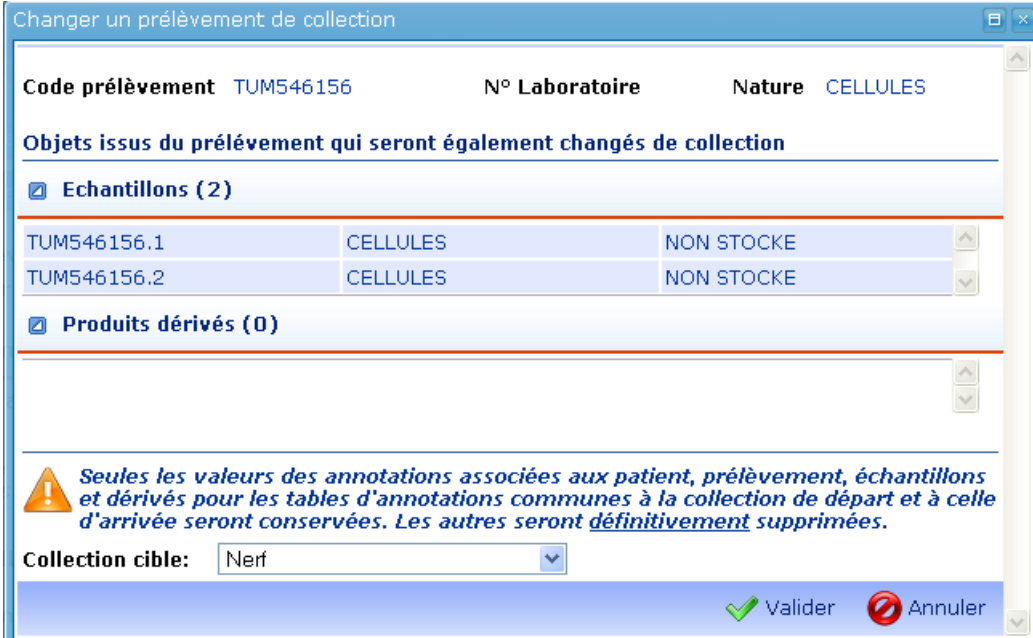
Champ de saisie	Description	Valeur
Nom du fichier d'impression	Nom du fichier qui sera créé	Texte
Format d'impression	Format d'impression de la fiche	PDF HTML
En-tête de la page	Informations en en-tête de la page	Texte
Pied de page	Informations en pied de page	Texte

Puis choisir les blocs d'impression à imprimer en cochant les cases à cocher, et l'ordre d'impression en cliquant sur les flèches bleues.

- ❖ Cliquez sur «  Imprimer ».

4.3.4. Changer un prélèvement de collection :

- ❖ Cliquez sur «  Action » puis « Changer de collection ».



Changer un prélèvement de collection


Code prélèvement TUM546156 N° Laboratoire Nature CELLULES

Objets issus du prélèvement qui seront également changés de collection



☒ Echantillons (2)


TUM546156.1	CELLULES	NON STOCKE
TUM546156.2	CELLULES	NON STOCKE

☒ Produits dérivés (0)

 *Seules les valeurs des annotations associées aux patient, prélèvement, échantillons et dérivés pour les tables d'annotations communes à la collection de départ et à celle d'arrivée seront conservées. Les autres seront définitivement supprimées.*

Collection cible: Nerf


 Valider  Annuler

- ❖ Sélectionner la collection vers laquelle vous voulez déplacer le prélèvement et cliquez sur «  Valider ».

Remarques :

- « Changer de collection » n'apparaît que si l'utilisateur est autorisé à modifier les prélèvements.
- Les échantillons et les produits dérivés sont aussi changés de collection
- Le prélèvement ne peut pas être changé de collection si au moins un échantillon ou produit dérivé a été cédé ou si les 2 collections n'ont pas le même lieu de stockage
- Les annotations ne sont conservées que si les tables sont identiques.

4.3.5. Changer un prélèvement de maladie (nouveau V2.0.9) :

- ❖ Cliquez sur «  Action » puis « Changer de maladie »











Remarque : cette fonctionnalité n'est accessible que si le patient est rattaché à plusieurs maladies.

4.3.6. Rechercher un prélèvement :

- ❖ Depuis la page prélèvement, cliquez sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ». Plus de détail, voir chapitre 5 les interfaces de recherche.

4.4. Menu échantillon :

❖ Cliquez sur l'onglet « Echantillon » pour accéder au menu.

		Code	Date de stockage	Organe	Codes Lésionnels	Type	Quantité	Statut	Emplacement
<input type="checkbox"/>		SEP4004LY.2	17/04/2013 16:35	SA	EN ATTENTE	LYMPHOCYTES	2.0 / 2.0 10 ⁶ Cell.	STOCKE	D.TIG3.SEP58.52
<input type="checkbox"/>		SEP4004LY.1	17/04/2013 16:35	SA	EN ATTENTE	LYMPHOCYTES	2.0 / 2.0 10 ⁶ Cell.	STOCKE	D.TIG3.SEP58.51
<input type="checkbox"/>		SEP4004S.5	17/04/2013 12:05	SA	EN ATTENTE	SERUM	0.5 / 0.5 ml	STOCKE	VI.CAS2.T4.SEP287.G-3
<input type="checkbox"/>		SEP4004S.4	17/04/2013 12:05	SA	EN ATTENTE	SERUM	0.5 / 0.5 ml	STOCKE	VI.CAS2.T4.SEP287.G-2
<input type="checkbox"/>		SEP4004S.3	17/04/2013 12:05	SA	EN ATTENTE	SERUM	0.5 / 0.5 ml	STOCKE	VI.CAS2.T4.SEP287.G-1
<input type="checkbox"/>		SEP4004S.2	17/04/2013 12:05	SA	EN ATTENTE	SERUM	0.5 / 0.5 ml	STOCKE	VI.CAS2.T4.SEP287.F-12
<input type="checkbox"/>		SEP4004S.1	17/04/2013 12:05	SA	EN ATTENTE	SERUM	0.5 / 0.5 ml	STOCKE	VI.CAS2.T4.SEP287.F-11
<input type="checkbox"/>		SEP4003LY.3	16/04/2013 17:30	SA	EN ATTENTE	LYMPHOCYTES	5.0 / 5.0 10 ⁶ Cell.	STOCKE	D.TIG1.SEP72.I-7
<input type="checkbox"/>		SEP4003LY.2	16/04/2013 17:30	SA	EN ATTENTE	LYMPHOCYTES	5.0 / 5.0 10 ⁶ Cell.	STOCKE	D.TIG1.SEP72.I-6
<input type="checkbox"/>		SEP4003LY.1	16/04/2013 17:30	SA	EN ATTENTE	LYMPHOCYTES	5.0 / 5.0 10 ⁶ Cell.	STOCKE	D.TIG1.SEP72.I-5

Recherche rapide

☐ Echantillons saisis
☐ Code échantillon
☐ Patient


Ce menu liste les échantillons enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- ① Ajouter un/des échantillon(s) en cliquant sur « Nouveau »
- ② Consulter, modifier, supprimer ou imprimer un échantillon en cliquant sur son code dans la liste.
- ③ Modifier simultanément plusieurs échantillons en cliquant sur « Actions » et « Modification multiple »
- ④ Rechercher des échantillons en cliquant sur « Rechercher » ou « Recherche avancée » ou « Recherche avancée INCa » (contexte tumorotheque).
- ⑤ Imprimer des étiquettes pour cryotubes pour les échantillons en cliquant sur « Actions » puis « Imprimer étiquettes ».
- ⑥ Choisir la période d'affichage des échantillons en cliquant sur le thésaurus (depuis 1 jour, 10 jours, 30 jours, les 30 derniers)
- ⑦ Visualiser la conformité des échantillons après traitement et pour la cession



Remarque : l'échantillon peut avoir 6 statuts :

- STOCKE lorsque l'emplacement de l'échantillon est connu
- NON STOCKE lorsque l'emplacement de l'échantillon n'est pas connu
- RESERVE lorsqu'il fait partie d'une cession en attente
- CEDE lorsque l'échantillon a été cédé (cession validée)
- EPUISE lorsque tout l'échantillon a été transformé en dérivé
- **TRAITEMENT EN COURS** lorsque l'échantillon a un évènement de stockage sans date de fin

4.4.1. Ajouter un/des échantillon(s) :






- ❖ Cliquez sur «  Nouveau » dans le menu échantillon.

Voir le chapitre 4.3.1.3


- ❖ Pour saisir les annotations liées à l'échantillon, cliquer sur «  », en haut à droite de la page.
- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la saisie des annotations liées aux échantillons.


4.4.2. Consulter / Modifier / Supprimer un échantillon :

- ❖ Cliquez sur le code de l'échantillon pour consulter sa fiche.


Fiche Echantillon			
Code échantillon	TUM546156.1	Type	CELLULES
<input checked="" type="checkbox"/> Informations prélèvement			
Code de prélèvement	TUM546156	Nature	CELLULES
Patient	TOTO JEAN		
<input checked="" type="checkbox"/> Informations échantillon			
Quantité / Quantité init.	- / -	Stérile	Oui
Mode de préparation		Délai de congélation	Inconnu
Date de stockage		Emplacement	
Opérateur		Température de conservation	
Statut	NON STOCKE	Conforme à la cession	Non
Qualité			
Conforme après traitement	Non		
<input checked="" type="checkbox"/> Informations complémentaires			
CR Ana. path.		Tumoral	Non
Organe			
Latéralité			
Codes Lésionnels			
▶ Traçabilité des événements du système de stockage (0)			
▶ Produits dérivés (0)			
▶ Cessions (0)			
<div>  Actions  Nouveau  Modifier  Supprimer  Ajout Dérivés </div>			

Cette page permet de :

1. Consulter les informations de l'échantillon.
2. Consulter ou modifier les annotations liées à l'échantillon en cliquant sur «  ».
3. Consulter les événements de stockage de cet échantillon
4. Consulter le tableau des dérivés de cet échantillon
5. Consulter les détails d'un dérivé en cliquant sur le code dérivé correspondant
6. Consulter le tableau des cessions faites à partir de cet échantillon
7. Créer des produits dérivés en cliquant sur « Ajout dérivés »

8. Modifier l'échantillon en cliquant sur «  Modifier ».
9. Imprimer la fiche en cours en cliquant sur « Actions » puis « Imprimer » ou « Imprimer fiche INCa ».
10. Supprimer l'échantillon en cliquant sur « Supprimer ».

4.4.3. Traçabilité des évènements du système de stockage **(Nouveauté V2.0.9)**

- ❖ Cliquez sur  **Traçabilité des évènements du système de stockage (1 - 0h 30min)** pour afficher le tableau des évènements de stockage :

Traçabilité des évènements du système de stockage (1 - 0h 30min)						
Date de début	Date de fin	Durée (mins)	évènement	Température	Emplacement	
26/12/2013 00:30	26/12/2013 01:00	0h 30min	Transformation: Dérivés	20.0 °C	VI.CAS2.T4.CAN3.A-4	 

 Nouvel évènement

Remarque : Un évènement de stockage correspond à une rupture de la chaîne de froid. Il peut être créé sur un dérivé ou un échantillon à la suite :

- D'une cession partielle,
- D'une transformation partielle en dérivé,
- D'un incident sur la structure de stockage dans laquelle se trouve l'échantillon,
- D'un déplacement de l'échantillon.

- ❖ Cliquez sur la date de début pour avoir le détail de l'évènement :

details

évènement de stockage

Code

CAN15S.8

Transformation

Date de début

26/12/2013 00:30

Date de fin


26/12/2013 01:00

Température

20.0 °C

Stérile

Non

 **dégradation probable de la qualité du matériel**

Opérateur

SOTO VÉRONIQUE

Evts./Obs.



Transformation en produits dérivés

Emplacement

VI.CAS2.T4.CAN3.A-4

Le drapeau rouge apparaît dans le tableau des échantillons.

- ❖ Cliquez sur  pour modifier l'évènement (voir chapitre 6.10)

- ❖ Cliquez sur  pour supprimer l'évènement
- ❖ Cliquez sur  [Nouvel évènement](#) pour créer un nouvel évènement

Pour des raisons de traçabilité, seul l'administrateur a accès à ses fonctionnalités.

4.4.4. Imprimer les fiches échantillons :

4.4.4.1. Imprimer la fiche échantillon :

- ❖ Cliquez sur « Action » puis « Imprimer ».

Impression de l'échantillon TUM2447.1

Choisir un modèle d'impression Définir un nouveau modèle ▼

Type d'objet à imprimer Echantillon

Nom du fichier d'impression * echantillon.pdf

Format d'impression * PDF ▼

En-tête de la page

Pied de page

Imprimer l'historique ☐

☒ **Paragraphes de la fiche d'impression**

Blocs d'impression	Imprimer		
Informations principales	<input checked="" type="checkbox"/>		▼
Informations prélèvement	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Informations échantillon	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Informations complémentaires	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Informations produits dérivés (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Informations cessions (Liste d'éléments)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
INCa-Echantillon (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
A EC (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	▼
Historique annotations (Annotations)	<input checked="" type="checkbox"/>	▲	

Imprimer

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Choisir un modèle d'impression	Modèle d'impression prédéfini	Thésaurus
Nom du fichier d'impression	Nom du fichier d'impression	Texte
Format d'impression	Format d'impression de la fiche	PDF HTML
En-tête de la page	Informations en en-tête de la page	Texte
Pied de page	Informations en pied de page	Texte
Imprimer l'historique	Imprimer l'historique du patient	Case cochée ou décochée
Informations principales	Imprimer les informations	Case cochée ou décochée

	principales du prélèvement	
Informations prélèvement	Imprimer les informations prélèvement	Case cochée ou décochée
Informations échantillon	Imprimer les informations échantillon	Case cochée ou décochée
Informations complémentaires	Imprimer	Case cochée ou décochée
Informations produits dérivés (Liste d'éléments)	Imprimer	Case cochée ou décochée
Informations cessions (Liste d'éléments)	Imprimer	Case cochée ou décochée
INCa-Echantillon (Annotations)	Imprimer les annotations de l'échantillon	Case cochée ou décochée
A EC (Annotations)	Imprimer les annotations de l'échantillon	Case cochée ou décochée
Historique annotations (Annotations)	Imprimer l'historique des annotations de l'échantillon	Case cochée ou décochée

❖ Cliquez sur « Imprimer ».

4.4.4.2. Imprimer la fiche INCa échantillon (**Nouveauté V2**):

❖ Cliquez sur « Action » puis « Imprimer fiche INCa ».



❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
En-tête de la page	En-tête de la page	Texte
Pied de page	Pied de page	Texte

❖ Cliquez sur «  Valider ».

NEUROBIOTEC



Fiche INCa de l'échantillon TUM2497.1 - Champs renseignés : 79%.

Renseignements sur le patient

Site de soin :	69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE	Sexe patient :	F
Date naissance patient :	29/11/1936	Date de l'état :	25/07/2011
Etat du patient :	Vivante		
Cause du décès :	-		

Renseignements sur la maladie

Diagnostic principal :	C71 (INCONNU)	Taille de la tumeur (cT) :	2
Date de diagnostic :	-	Ext. métastatique (cM) :	0
Version cTNM :	-		
Env. ganglionnaire (cN) :	0		

Renseignements sur le prélèvement

Centre de stockage :	69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE		
Contact :	DUFAY NATHALIE		
Mail :			
Téléphone :			
ID prélèvement :	TUM2497	Type de prélèvement :	PIÈCE OPÉRATOIRE
Date du prélèvement :	25/07/2011 10:53		
Classification utilisée :	ADICAP, CIMO_MORPHO, CIM_MASTER		
Code organe :	NH		
Type lésionnel :	GB, N7X0, M-9440/3		
Type d'événement :	1: tumeur primitive		
Version pTNM :	X	Taille de la tumeur (pT) :	X
Env. ganglionnaire (pN) :	0	Ext. métastatique (pM) :	0

Renseignements sur l'échantillon

Tumoral :	Non	Mode de conservation :	azote
Type d'échantillon :	tissu	Mode de préparation :	culot
Délai de congélation :	plus de 30min	Contrôle sur tissu :	-
Quantité :	368.0	Unité :	mg
% de cellules tumorales :	-	ADN dérivé :	Non
ARN dérivé :	Non	Protéine dérivée :	Non

Ressources biologiques associées

Sérum :	Non	Plasma :	Non
Liquides :	Non	ADN constitutionnel :	Non

Renseignements complémentaires










CR anapath standardisé interrogeable : Oui
 Données cliniques disponibles dans une base : Oui
 Inclusion dans un protocole thérapeutique : Non
 Nom du protocole : -
 Caryotype : Non
 Anomalie éventuelle : -
 Anomalie génomique : Non
 Description anomalie génomique : -
 Contrôle qualité biologique moléculaire : Oui
 Inclusion dans un protocole de recherche : Oui
 Nom du programme de recherche : Gliadys
 Champ spécifique du type de cancer : -

4.4.5. Rechercher un échantillon :

- ❖ Depuis la page échantillon, cliquez sur « Rechercher » ou « Recherche avancée » ou « Recherche avancée INCa ». ». Plus de détail, voir chapitre 5 les interfaces de recherche.

4.5. Menu dérivés :


❖ Cliquez sur l'onglet « Dérivé » pour accéder au menu.

Recherche											
		Code du dérivé	Type Parent	Code parent	Date de stockage	Type	Volume	Concentration	Quantité	Statut	Emplacement
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.1ADN.1	Echantillon	SEP2823LY.1		ADN	0.0 / 300.0 µl	0.02 µg/µl	0.0 / 6.0 µg	DETUIT	
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.2	Echantillon	SEP2823LY.2		ADN	0.0 / 80.0 µl	0.25 µg/µl	0.0 / 20.0 µg	EPUISE	
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.3	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	20.0 / 20.0 µl	0.25 µg/µl	5.0 / 5.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP235.H-1
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.4	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	20.0 / 20.0 µl	0.25 µg/µl	5.0 / 5.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP235.H-1
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.5	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	20.0 / 20.0 µl	0.25 µg/µl	5.0 / 5.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP236.A-1
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.6	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	20.0 / 20.0 µl	0.25 µg/µl	5.0 / 5.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP236.A-2
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.7	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	20.0 / 20.0 µl	0.25 µg/µl	5.0 / 5.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP236.A-3
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.8	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	32.0 / 32.0 µl	0.25 µg/µl	8.0 / 8.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP236.A-4
<input type="checkbox"/>		SEP2823LY.2ADN.9	Echantillon	SEP2823LY.2	28/07/2011 14:00	ADN	32.0 / 32.0 µl	0.25 µg/µl	8.0 / 8.0 µg	STOCKE	IV.C4.T2.SEP236.A-5


Recherche rapide





☐ Dérivés saisis

☒ Code



☐ Patient



 Rechercher
  Recherche avancée
  Nouveau
  Actions

Ce menu liste les produits dérivés enregistrés dans le système. Vous pouvez :

- Ajouter un produit dérivé en cliquant sur « Nouveau ».
- Consulter, modifier, imprimer ou supprimer un produit dérivé en cliquant sur son code dans la liste.
- Modifier simultanément plusieurs dérivés en cliquant sur « Actions » et « Modification multiple »
- Rechercher des produits dérivés en cliquant sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ».
- Imprimer des étiquettes pour cryotubes pour les dérivés en cliquant sur « Actions » puis « Imprimer étiquettes ».

4.5.1. Ajouter un/des dérivé(s) :

❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu dérivé.

Création de produits dérivés

Type d'objet dont est issu le dérivé

Echantillon

Code du parent *

Transformation subie

Date de transformation

Quantité utilisée

Informations des produits dérivés

Code du dérivé *

Valeur obligatoire

Type *

N° Laboratoire

Volume initial

Concentration

Quantité initiale

Date de stockage

Qualité

Opérateur

Aide à la saisie

Mode de préparation

Conforme après traitement

☐ Oui ☐ Non

Conforme pour la cession

☐ Oui ☐ Non

Ajouter à la liste

	Code	N° Laboratoire	Type	Volume	Concentration	Quantité	Emplacement
--	------	----------------	------	--------	---------------	----------	-------------


Stockage manuel

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Type d'objet dont est issu le dérivé (Nouveauté V2)	Objet ayant servi à la réalisation du dérivé	Prélèvement Echantillon Dérivé
Code du parent *	Code du parent du dérivé	Alphanumérique
Date de transformation	Date et heure de transformation des échantillons	Date au format JJ/MM/AAAA HH :MM
Quantité utilisée (Nouveauté V2)	Quantité utilisée pour réaliser le dérivé	Numérique
Code du dérivé *	Code du/des produits dérivés	Par défaut incrémentation du code de l'objet parent, modifiable
Type *	Type de produit dérivé	Thésaurus modifiable
N° Laboratoire	Numéro du laboratoire	Numérique
Volume initial	Volume initial du dérivé	Numérique
Unité	Unité du volume	ml nl µl
Concentration	Concentration du dérivé	Numérique
Unité	Unité la concentration	mg/ml ng/nl

		$\mu\text{g}/\mu\text{l}$ $\mu\text{g}/\text{ml}$ $\text{ng}/\mu\text{l}$
Quantité initiale	Quantité initiale du dérivé	Numérique/Thésaurus
Unité	Unité de la quantité	mg ng μg 10^6 cell
Date de stockage	Date et heure de stockage des échantillons	Date au format JJ/MM/AAAA HH :MM
Qualité (Nouveauté V2)	Qualité du dérivé	Thésaurus modifiable
Opérateur	Opérateur	Collaborateurs enregistrés dans la base
Mode de préparation (Nouveauté V2)	Mode de préparation du dérivé	Thésaurus modifiable
Conforme après traitement (Nouveauté V2.0.7)	Conformité du dérivé après le traitement	Thésaurus modifiable
Conforme pour la cession (Nouveauté V2.0.7)	Conformité du dérivé pour être cédé	Thésaurus modifiable

- ❖ Cliquez sur « Ajouter à la liste »
- ❖ En cliquant sur « Stockage manuel », Ranger les dérivés dans les conteneurs de la même façon que les échantillons, comme expliqué dans le chapitre 4.3.1.3.






- ❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la saisie.

Nouveautés V2 :



- Il est possible de faire des dérivés de dérivés, ce qui permet par exemple la gestion des lignées cellulaires
- La quantité d'échantillon utilisée pour créer le dérivé est automatiquement soustraite de la quantité initiale de l'échantillon
- Si la quantité utilisée est égale à la quantité de l'échantillon, alors l'échantillon est automatiquement destocké

4.5.2. Consulter / Modifier / Supprimer un dérivé :

❖ Cliquez sur le code du dérivé pour consulter sa fiche.

Fiche Produit dérivé			
Code du dérivé	SEP2823LY.2ADN.7	Type	ADN
▲ Echantillon dont est issu le produit dérivé			
Code échantillon	SEP2823LY.2	Type d'échantillon	LYMPHOCYTES
Emplacement		Statut	EPUISE
Code lésionnel	Ac anti-NMO +		
Transformation subie			
Date de transformation	11/07/2011 10:00	Quantité utilisée	- 10 ⁶ Cell.
Patient	LYON11912 PAT		
▲ Informations complémentaires			
N° Laboratoire			
Volume / Volume init.	20.0 / 20.0 µl	Concentration	0.25 µg/µl
Quantité / Quantité init.	5.0 / 5.0 µg		
Date de stockage	28/07/2011 14:00	Qualité	
Opérateur	REBAI-HABBESSI LILIA		
Emplacement	IV.C4.T2.SEP236.A-3	Statut	STOCKE
Mode de préparation		Température de conservation	-75.0°C
Conforme après traitement	Oui		
Conforme pour la cession	Non - absence de consentement.		
► Traçabilité des événements du système de stockage (0)			
► Produits dérivés (0)			
► Cessions (0)			
<div>  Actions  Nouveau  Modifier  Supprimer  Ajout Dérivés </div>			

❖ Cette page permet de :

- Consulter l'échantillon dont est issu le dérivé
- Consulter les informations du dérivé.
- Consulter le tableau des événements de stockage
- Consulter le tableau des dérivés de ce dérivé
- Consulter le tableau des cessions de ce dérivé
- Modifier le dérivé en cliquant sur «  Modifier ».
- Imprimer la fiche en cours en cliquant sur « Action » puis « Imprimer ».
- Supprimer le dérivé en cliquant sur «  Supprimer ».
- Ajouter un dérivé en cliquant sur « Ajout dérivés ».

4.5.3. Modifier simultanément plusieurs dérivés:

Voir chapitre 6.1

4.5.4. Rechercher un dérivé :

- ❖ Depuis la page dérivé, cliquez sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ». Plus de détail, voir chapitre 5 les interfaces de recherche.

4.6. Menu cession :

❖ Cliquez sur l'onglet « Cession » pour accéder au menu.

Accueil	Patient	Prélèvement	Echantillon	Dérivé	Cession	Stockage	Recherche	Administration	
Recherche									
<input type="checkbox"/>	N° cession	Type	Nb Echantillons	Nb. dérivés	Date demande	Date de cession	Demandeur	Etude	Statut
<input type="checkbox"/>	543	Recherche	1 ...	0					EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>	D16-04-2013	Destruction	97	0	12/04/2013	16/04/2013 10:00	MARIGNIER	ABSENCE DE DIAGNOSTIC	VALIDEE
<input type="checkbox"/>	356	Recherche	5 ...	0	12/04/2013		MARIGNIER	GS in NMO article	EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>	355 ②	Recherche	8 ...	0	12/04/2013		MARIGNIER	Etude de modèle animal NMO	EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>	351	Recherche	105	0	05/04/2013		MARIGNIER	Projet EDEN envoi Allemagne	EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>	350	Recherche	31 ...	0	05/04/2013	10/04/2013 19:30	MARIGNIER	Projet Eden	EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>	350 (erreur selection des cas)	Recherche	12 ...	0	05/04/2013		MARIGNIER	Projet Eden	EN ATTENTE
<input type="checkbox"/>	349	Sanitaire	0	0	02/04/2013	03/04/2013 16:00	MARIGNIER	AC ANTI-NMO	VALIDEE
<input type="checkbox"/>	D19-03-2013	Destruction	3 ...	0	18/03/2013	19/03/2013 15:00	MERLE	ABSENCE DE CONSENTEMENT	VALIDEE
Recherche rapide									
<input type="radio"/>	Cessions saisies	<input type="text"/>							
<input type="radio"/>	Numéro	<input type="text"/>							
<input type="radio"/>	Statut	<input type="text"/>							
<input type="radio"/>	Recherche	<input type="text"/>							
<input type="radio"/>	Recherche avancée	<input type="text"/>							
<input type="radio"/>	Nouveau	<input type="text"/>							
<input type="radio"/>	Action	<input type="text"/>							

Ce menu liste les cessions enregistrées dans le système. Vous pouvez :

- ① Ajouter une cession en cliquant sur « Nouveau ».
- ② Consulter, modifier, imprimer ou supprimer une cession en cliquant sur son code dans la liste.
- ③ Rechercher des cessions en cliquant sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ».
- ④ Exporter les données des échantillons ou des dérivés des cessions en sélectionnant la cession puis en cliquant sur « Action » puis « Exporter » (**Nouveauté V2**).


4.6.1. Ajouter une cession :

- ❖ Cliquez sur « Nouveau » dans le menu cession.

Fiche Cession


N° cession * Type *

☒ **Echantillons (0)**

Code échantillon (par collection) :  Ajouter l'échantillon à la liste


Code	Type	Patient	Statut juridique	Quantité demandée	Quantité restante	Unité
Rajouter des échantillons par sélection multiple						

☒ **Produits dérivés (0)**

Code produit dérivé (par collection) :  Ajouter le produit dérivé à la liste

Code	Type	Patient	Statut juridique	Quantité demandée	Quantité restante	Unité
Rajouter des produits dérivés par sélection multiple						

Demandeur **Date demande**

Contrat  Remplissage auto.

Titre de l'étude

Description

Etablissement

Service destinataire

Destinataire



Date de validation **Statut ***

Opérateur

Date de départ **Date d'arrivée**

Transporteur **Température** °C

Observations

 Enregistrer et quitter  Annuler

- ❖ Vous pouvez ajouter des échantillons ou des dérivés en :
 - o Les saisissant un à un depuis la page cession puis en cliquant sur « Ajouter l'échantillon à la liste » et « Ajouter le produit dérivé à la liste ».
 - o Les ajoutant par sélections multiples en cliquant sur « Rajouter des échantillons par sélection multiple » ou « Rajouter des produits dérivés par sélection multiple ». Dans ce cas la fenêtre suivante s'affiche :

Recherche								
<input type="checkbox"/>	Code échantillon	Date de stockage	Organe	Codes Lésionnels	Type	Quantité	Statut	Emplacement
<input checked="" type="checkbox"/>	TUM2447.1	17/05/2011 16:37	NH	GB IV ...	TISSU TUMORAL	351.0 / 351.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM102.19
<input type="checkbox"/>	TUM2447.2	17/05/2011 16:37	NH	GB IV ...	TISSU TUMORAL	370.0 / 370.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM102.20
<input type="checkbox"/>	TUM2447.3	17/05/2011 16:37	NH	GB IV ...	TISSU TUMORAL	237.0 / 237.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM102.21
<input checked="" type="checkbox"/>	TUM2410.1	12/04/2011 17:22	EH	ADENOME HYPOPHYSAIRE III	TISSU TUMORAL	62.0 / 62.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM100.74
<input checked="" type="checkbox"/>	TUM2410.2	12/04/2011 17:22	EH	ADENOME HYPOPHYSAIRE III	TISSU TUMORAL	131.0 / 131.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM100.75
<input checked="" type="checkbox"/>	TUM2410.3	12/04/2011 17:22	EH	ADENOME HYPOPHYSAIRE III	TISSU TUMORAL	136.0 / 136.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM100.76
<input checked="" type="checkbox"/>	TUM2410.4	12/04/2011 17:22	EH	ADENOME HYPOPHYSAIRE III	TISSU TUMORAL	68.0 / 68.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM100.77
<input type="checkbox"/>	TUM2410.5	12/04/2011 17:22	EH	ADENOME HYPOPHYSAIRE III	TISSU TUMORAL	244.0 / 244.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM100.78
<input type="checkbox"/>	TUM2360.1	23/02/2011 16:40	NH	E III REC ...	TISSU TUMORAL	22.0 / 22.0 mg	STOCKE	E.T6.TU46.27
<input type="checkbox"/>	TUM2360.2	23/02/2011 16:40	NH	E III REC ...	TISSU TUMORAL	18.0 / 18.0 mg	STOCKE	E.T6.TU46.29
<input type="checkbox"/>	TUM2415.1	18/04/2011 10:30	NH	E II ...	TISSU TUMORAL	313.0 / 313.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM101.1
<input type="checkbox"/>	TUM2415.2	18/04/2011 10:30	NH	E II ...	TISSU TUMORAL	300.0 / 300.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM101.2
<input type="checkbox"/>	TUM2415.3	18/04/2011 10:30	NH	E II ...	TISSU TUMORAL	281.0 / 281.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM101.3
<input type="checkbox"/>	TUM2415.4	18/04/2011 10:30	NH	E II ...	TISSU TUMORAL	367.0 / 367.0 mg	STOCKE	C.T5.TUM101.4

Recherche rapide
☐ Echantillons saisis depuis 1 jour
☐ Code échantillon
☐ Patient


Rechercher Recherche avancée Recherche avancée INCa Sélectionner Annuler

❖ Cochez les échantillons ou dérivés que vous voulez céder puis cliquez sur « Sélectionner ». Ils sont alors ajoutés à la liste de la cession.

❖ Complétez les informations :

Champ de saisie	Description	Valeur
N° cession *	Numéro de la cession	Alphanumérique
Type * (Nouveauté V2)	Type de cession	Recherche, Destruction Sanitaire
Demandeur	Demandeur de la cession	Collaborateurs enregistrés dans la base
Date de demande	Date de la demande de la cession	Date au format JJ/MM/AAAA
Contrat (Nouveauté V2)	Contrat de la cession	Contrats enregistrés dans la base
Titre de l'étude (cession recherche)	Titre de l'étude	Texte
Description (cession recherche)	Description de l'étude	Texte
Motif de destruction (Nouveauté V2) (cession destruction)	Motif de la destruction	Thesaurus modifiable
Date de destruction (Nouveauté V2) (cession destruction)	Date de la destruction	Date au format JJ/MM/AAAA HH :MM
Examen (Nouveauté V2) (cession sanitaire)	Type d'examen réalisé sur l'échantillon ou le dérivé	Thesaurus modifiable
Etablissement (Nouveauté V2)	Etablissement destinataire de la cession	Etablissements enregistrés dans la base
Service destinataire (Nouveauté V2)	Service destinataire de la cession	Services enregistrés dans la base, filtrés sur l'établissement
Destinataire	Personnel destinataire de la cession	Collaborateurs enregistrés dans la

		base, filtrés sur le service
Date de validation (sauf destruction)	Date de validation de la cession	Date au format JJ/MM/AAAA
Statut	Statut de la cession	EN ATTENTE, VALIDEE, REFUSEE
Opérateur (Nouveauté V2)	Opérateur de la cession	Collaborateurs enregistrés dans la base
Date de départ (sauf destruction)	Date de départ de la cession	Date au format JJ/MM/AAAA HH :MM
Date d'arrivée (sauf destruction)	Date d'arrivée de la cession	Date au format JJ/MM/AAAA HH :MM
Transporteur (sauf destruction)	Transporteur	Transporteurs enregistrés dans la base
Température (sauf destruction)	Température de transport	Numérique/Thésaurus
Observation	Observation sur la cession	Texte libre

❖ Cliquez sur «  Enregistrer et quitter » pour valider votre cession.



Remarque : Il est possible de ne céder qu'une partie de l'échantillon. La quantité cédée est alors soustraite automatiquement de la quantité initiale.

Nouveautés V2 :



- Les cessions sont de 3 types : recherche, sanitaire (pour étude complémentaire diagnostic) ou destruction (pour non-conformité par exemple). Les champs sont différents selon le type de cession,
- Les cessions recherche peuvent être liées à un contrat créé par l'administrateur. Dans ce cas, les champs «titre du projet », « établissement », « service », « demandeur », et « date de demande » peuvent être automatiquement renseignés en cliquant sur le lien « Remplissage auto »,
- Il est possible de rajouter ou d'enlever des échantillons de la cession tant que le statut est « EN ATTENTE ».

4.6.2. Consulter / Modifier / Supprimer une cession :

❖ Cliquez sur le code de la cession pour consulter sa fiche.

Fiche Cession							
N° cession	238			Type	Recherche		
<input checked="" type="checkbox"/> Echantillons (7)							
Code	Type	Patient	Statut juridique	Quantité demandée	Quantité restante	Unité	Emplacement
TUM977.1	TISSU TUMORAL	LYON1528 john	CHIRURGIE + RECHERCHE	1.0	0.0	Fragments	B.T4.TUM55.58
TUM1104.1	TISSU TUMORAL	LYON1607 john	CHIRURGIE + RECHERCHE	301.1	0.0	mg	B.T5.TUM62.89
TUM1159.1	TISSU TUMORAL	LYON2172 john	CHIRURGIE + RECHERCHE	545.7	0.0	mg	E.T1.TUM5.23
TUM974.1	TISSU TUMORAL	LYON2525 john	RECHERCHE	1.0	0.0	Fragments	B.T4.TUM55.38
TUM1394.1	TISSU TUMORAL	LYON5055 john	RECHERCHE	51.0	0.0	mg	B.T1.TUM72.76
TUM1304.1	TISSU SEC	LYON4046 john	RECHERCHE + GÉNÉTIQUE	1.0	0.0	Fragments	B.T6.TUM69.19
TUM1452.1	TISSU SEC	LYON5482 john	DECEDE	152.0	0.0	mg	B.T1.TUM74.41
 Tout sélectionner							
Demandeur	JOUVET ANNE			Date demande	01/10/2011		
Contrat	D20876						
Titre de l'étude	Chimiosensibilité des GB in vitro						
Description							
Etablissement	69 : CENTRE DE BIOLOGIE EST			①			
Service destinataire	CENTRE DE PATHOLOGIE						
Destinataire	JOUVET ANNE						
Date de validation	17/10/2011			Statut	EN ATTENTE		
Opérateur	REBAI-HABBESSI LILIA			Date d'arrivée	04/11/2011		
Date de départ	04/11/2011			Température	-196.0 °C		
Transporteur	PERSONNEL BIOTHÈQUE						
Observations							
③ ④ ⑤  Actions ▾  Nouveau  Modifier ②  Supprimer ⑥							

❖ Cette page permet de :

- ① Consulter les informations de la cession d'échantillons ou de dérivés.
- ② Modifier la cession en cliquant sur «  Modifier ».
- ③ Imprimer la fiche en cours en cliquant sur « Action » puis « Imprimer ».
- ④ Imprimer le bon de livraison en cliquant sur « Action » puis « Imprimer le bon de livraison »
(Nouveauté V2)
- ⑤ Exporter les données des échantillons ou des dérivés en cliquant sur « Action » puis « Exporter les échantillons ».
- ⑥ Supprimer la cession en cliquant sur «  Supprimer ».

4.6.3. Rechercher une cession :

- ❖ Depuis la page cession, cliquez sur « Rechercher » ou « Recherche avancée ». Plus de détails, voir chapitre 5 les interfaces de recherche.

4.7. Menu stockage :

- ❖ Cliquez sur le l'onglet « Stockage » pour accéder au menu.

Accueil Patient Prélèvement Echantillon Dérivé Cession **Stockage** Recherche Administration

Liste des conteneurs

- Congél II (TUM, DEM, NPD, MYA, PDM, MPR, AVC,ORA)
 - C1 EPI MYO NPD MYA DEM AVC MPR [3132 - 43.8%]
 - C2 TUM suite [2107 - 61.7%]
 - C3 (SUITE) DEM [8 - 99.9%]
 - C4 PDM MPR [1244 - 77.8%]
- Congélateur III (1-60 DEM TUM SEP SNP)
- Congélateur IV (SEP, PNP)
- Congélateur VI (AUT ST+ POLA ORA MOP, en cours)
- Conteneur A (SEP)
- Conteneur D (SEP et SNP suite)
- Réfrigérateur n°2

Fiche Conteneur

Nom Congél II (TUM, DEM, NPD, MYA, PDM, MPR, AVC,ORA) Code II

Description JOUAN THERMO VXE380

Type CONGELATEUR

Etablissement 69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE

Service NEUROBIOTEC

Pièce Température -80.0 °C

Nb. de niveaux 3

Plateforme de création NEUROBIOTEC

Remplissage du conteneur :

	Emplacements libres	Emplacements occupés	Total	Taux de remplissage
C1	3132	2437	5569	43.76%
C2	2107	3398	5505	61.73%
C3 (SUITE)	8	5557	5565	99.86%
C4	1244	4359	5603	77.8%
Total	6491	15751	22242	70.82%

Incidents (1)

Autres plateformes pouvant accéder au conteneur (1)

Actions Nouveau Modifier Supprimer

Cette page permet :

- ❖ De visualiser les statistiques sur l'état de remplissage des conteneurs qui composent la biothèque.
- ❖ D'accéder à chaque structure de stockage en cliquant dessus (composition, incidents et plateformes pouvant accéder au conteneur)
- ❖ D'accéder à l'interface du déplacement des échantillons.
- ❖ La création / modification / suppression d'un container
- ❖ L'impression d'étiquettes pour cryotubes

4.7.1. Ajouter un conteneur :

❖ Cliquez sur « Nouveau conteneur »

Fiche Conteneur

Nom * Code *

Description

Type


Service * [Aide à la saisie](#)



Pièce Température °C

Nb. de niveaux *

Plateforme de création **NEUROBIOTEC**

☐ conteneur à paillettes de type Cryo Bio System®

 [Créer la structure](#)

 [Enregistrer](#)  [Annuler](#)

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom du congélateur, apparaît dans les menus déroulants	Texte
Code *	Code du conteneur, utilisé dans l'adresse de chaque échantillon	Texte (3 caractères)
Description	Rapide description du conteneur	Texte
Type	Type de structure de stockage	Thésaurus modifiable : CONGELATEUR RECIPIENT CRYOGENIQUE CRYOCONSERVATEUR
Service *	Service où est située la structure de stockage	Services enregistrés dans la base

Pièce (Nouveauté V2)	Pièce où est stockée la structure de stockage	Texte
Température	Température de stockage	Numérique
Nb. de niveaux *	Nombre de niveaux qui composent la structure de stockage (3 niveaux maximum en plus des boîtes)	Numérique

- ❖ Cliquez sur « Créer la structure » pour créer votre structure de stockage.

Fiche Conteneur

Nom *

Cong

Code *

C

Description

Type

Service *

NEUROBIOTEC

Aide à la saisie

Pièce

Température

°C

Nb. de niveaux

4

Caractéristiques des subdivisions

	Type *	Préfixe *	Quantité *	1ère position
1	CANISTER			
2	CANISTER			
3	CANISTER			
4	BOITE	BT		

Caractéristiques des boîtes

Type

Rectangulaire_100

Nb. de places

100

Dimensions

10 X 10

Numérotation


{NUM NUM}

Enregistrer

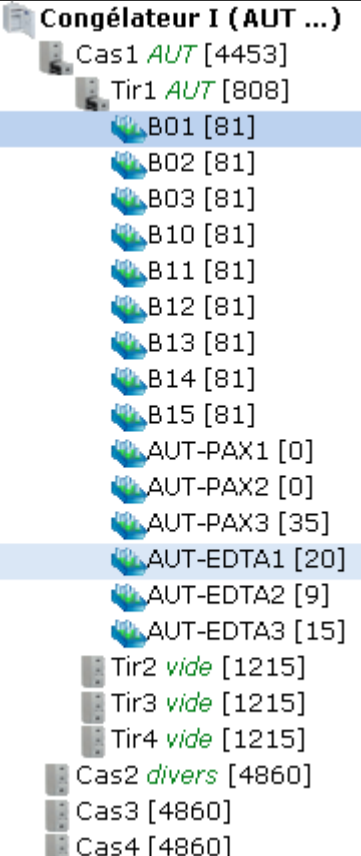
Annuler

❖ Remplissez ensuite les informations suivantes :


Type *	Types d'enceinte qui composent la structure de stockage.	Thesaurus modifiable : CANISTER CASIER GOBELET (Nouveauté V2) TIROIR TIGE PANIER RACK
Préfixe *	Préfixe du niveau, utilisé dans l'adresse de chaque échantillon	Texte
Quantité *	Nombre d'éléments par niveau	Numérique
1ère position *	Numéro de la première boîte	Numérique
Type	Type de boîte	Liste des boîtes créées par l'administrateur
Numérotation (Nouveauté V2)	Type de numérotation des boîtes	{NUM ; NUM} {CAR ; NUM} {NUM ; CAR} {CAR ; CAR}

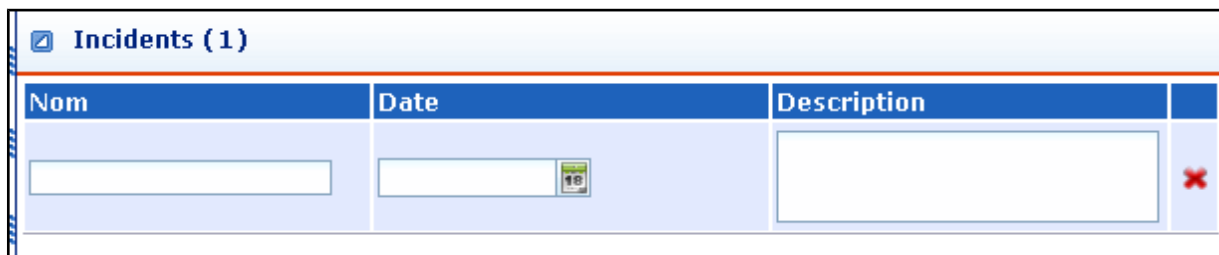
❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour enregistrer votre structure de stockage.

Dans le cas de la capture d'écran ci-dessus, la structure suivante est obtenue :

	<p>Cas : Casiers Tir : Tiroirs B : Boîtes</p> <p>4 casiers dans le congélateur 4 tiroirs par casier 15 boîtes par tiroirs soit 240 boîtes au total</p> <p>Le nombre d'emplacements disponibles apparaît entre crochets.</p>
---	---


4.7.2. Ajouter un incident de stockage (Nouveauté V2)^o

- ❖ Cliquez sur le nom du conteneur dans l'onglet « Stockage ».
- ❖ Cliquez sur «  Modifier » puis sur « Ajouter un incident » pour ajouter un incident.



- ❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom *	Nom de l'incident	Texte
Date *	Date de l'incident	Date au format JJ/MM/AAAA
Description	Description de l'incident	Texte libre

- ❖ Cliquez sur «  Valider » pour enregistrer l'incident.


- ❖ Une fenêtre s'ouvre pour la création d'un événement de stockage à chaque échantillon ou dérivés qui se trouve dans le container : Voir chapitre 4.3.3

Attention, cette opération est irréversible.

Remarques :

- Vous pouvez créer des incidents à chaque niveau de votre container, jusqu'aux boîtes,
- Les incidents sont automatiquement classés par date

4.7.3. Modifier un niveau du conteneur :

- ❖ Dans l'onglet stockage, sélectionnez le niveau à modifier dans le congélateur et cliquez sur «  Modifier ».

Liste des conteneurs

- Congé II (TUM, DEM, NPD, MYA, PDM, MPR, AVC, ORA)
- Congélateur III (1-60 DEM TUM SEP SNP)
- Congélateur IV (SEP, PNP)
 - C1 SEP181 PAX [1123 - 76.6%]
 - T1 SEP PAX [1093 - 5.0%]
 - B03 [81 - 0.0%]
 - B04 [81 - 0.0%]
 - B05 [81 - 0.0%]
 - B06 [81 - 0.0%]
 - B07 [81 - 0.0%]
 - B08 [81 - 0.0%]
 - B09 [81 - 0.0%]
 - B10 [81 - 0.0%]
 - B11 [81 - 0.0%]
 - B12 [81 - 0.0%]
 - B13 [81 - 0.0%]
 - B14 [81 - 0.0%]
 - B15 [81 - 0.0%]
 - SEP PAX 1 [0 - 100.0%]
 - SEP PAX 2 [40 - 18.4%]
 - T2 SEP181-195 [3 - 99.8%]
 - T3 SEP196-210 [8 - 99.3%]
 - T4 SEP211-225 [19 - 98.4%]
 - C2 SEP121-180 [2049 - 70.1%]

Fiche Enceinte

Nom T1 Alias SEP PAX

Type CASIER

Nb. de places dans l'enceinte 15

Couleur de l'enceinte GRIS

Réserver l'enceinte pour les objets de type


Incidents (0)

Validater Annuler

❖ Vous pouvez modifier :

Champ de saisie	Description	Valeur
Nom	Nom du niveau	Texte
Alias	Précision concernant le niveau, apparaît en <i>italique vert</i>	Texte
Type	Type de niveaux	Thésaurus modifiable : CANISTER CASIER GOBELET TIROIR TIGE PANIER RACK
Couleur de l'enceinte (Nouveauté V2)	Permet de rajouter une indication de couleur à l'enceinte	
Réserver l'enceinte pour les objets du type (Nouveauté V2)	Réserver l'enceinte pour les échantillons ou les dérivés	Echantillon ProdDerive
Réservez l'enceinte pour une collection (pour les boîtes uniquement) (Nouveauté V2)	Réservé la boîte pour une collection	Collections

❖ Vous pouvez rendre accessible votre container à une autre plateforme si vous avez accès à ces plateformes. Pour cela, sélectionner votre container, cliquez sur « Modifier » et « Autres plateforme pouvant accéder au container » (**Nouveauté V2**).

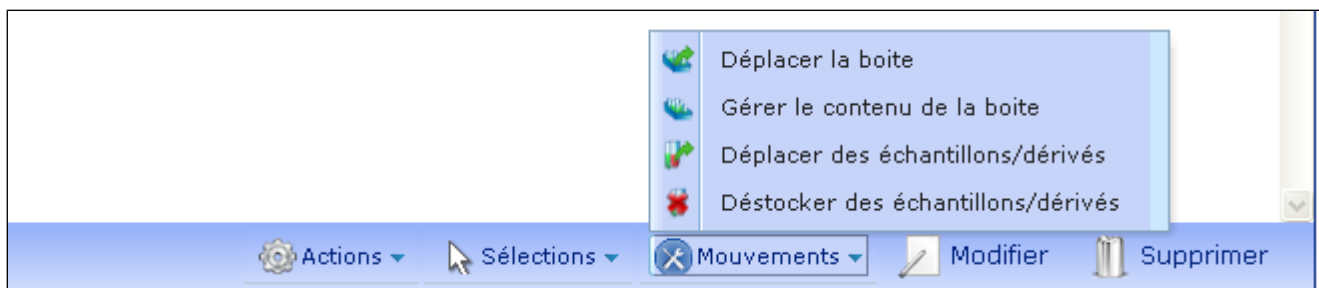
❖ Cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.

Remarques (Nouveauté V2) :

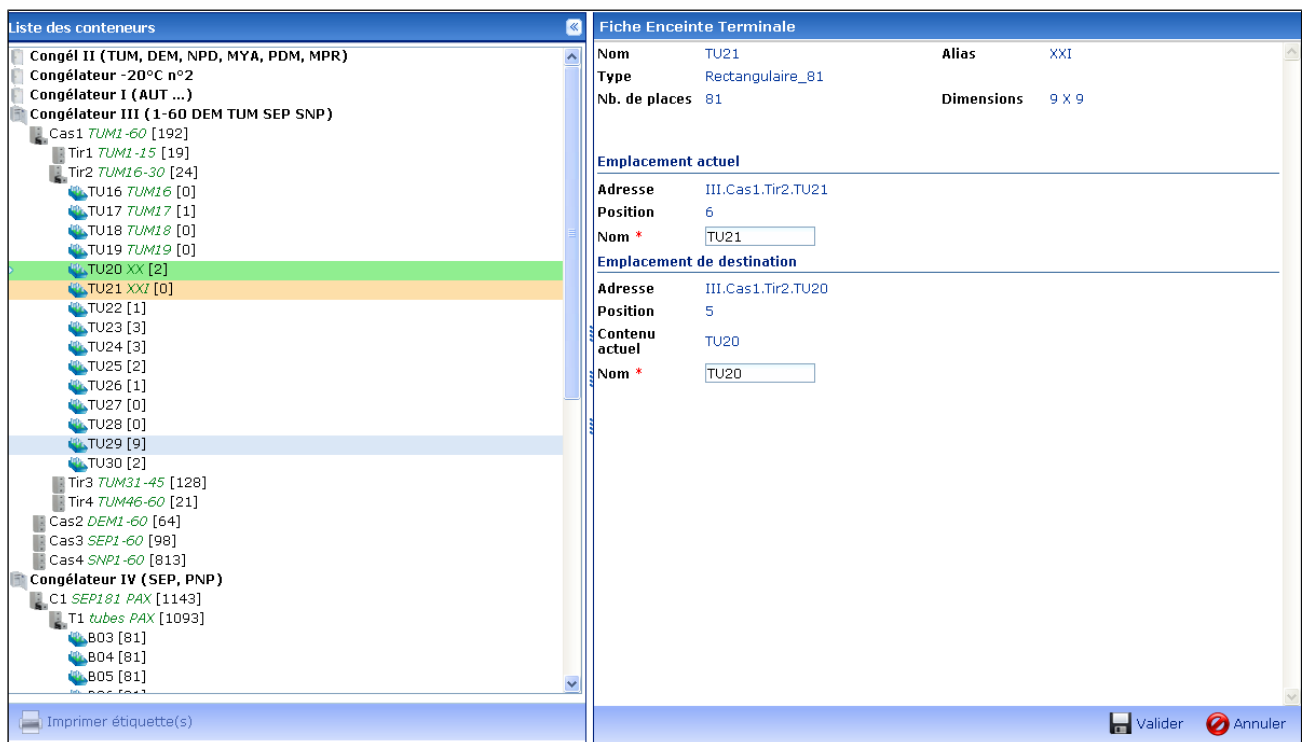
- Pour modifier la numérotation des terminale, cliquez sur « Action » et « Modifier la numérotation des terminales »
- Pour modifier la taille de l'enceinte, cliquez sur « Actions » et « Modifier la taille de l'enceinte que vous pouvez agrandir ou rétrécir à condition d'enlever des emplacements sans boîte.
- Lors de la modification d'une boîte, il est possible en plus de modifier la numérotation et de réserver la boîte à une collection


4.7.4. Déplacer une boîte :

- ❖ Dans l'onglet stockage, sélectionnez la boîte à déplacer et cliquez sur « Mouvement » puis « Déplacer la boîte ».



- ❖ Cliquez sur l'emplacement où voulez mettre la boîte.

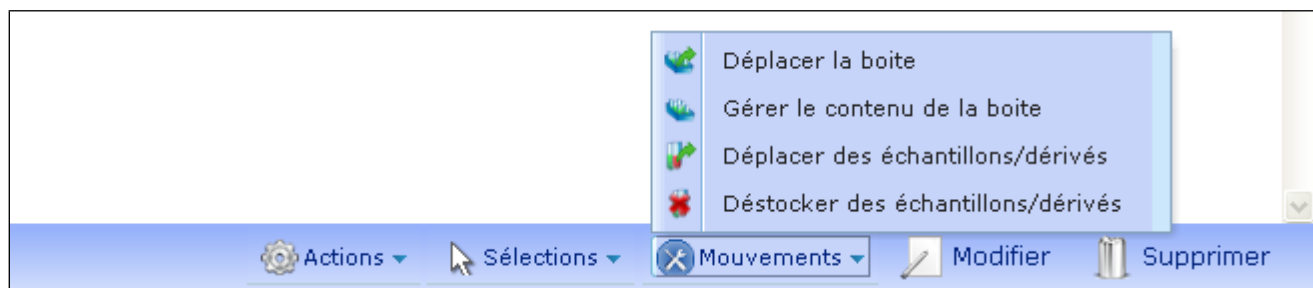


- ❖ Cliquez sur «  Valider » pour réaliser le déplacement.

Remarque importante : Si une boîte se trouve à l'emplacement du transfert, alors celle-ci sera échangée

4.7.5. Déplacer un ou plusieurs échantillons :

- ❖ Dans l'onglet stockage, sélectionnez la boîte à déplacer et cliquez sur « Mouvement » puis « Gérer le contenu de la boîte » (mouvements dans une seule boîte) ou « Déplacer des échantillons/dérivés » (changement de boîte)



4.7.6. Déplacer une enceinte (Nouveauté V2) :


- ❖ Dans l'onglet stockage, sélectionnez l'enceinte à déplacer et cliquez sur « Déplacer l'enceinte ».



- ❖ Cliquez sur l'emplacement où voulez mettre l'enceinte.


Liste des conteneurs	Fiche Enceinte																																																
<ul style="list-style-type: none"> Congé II (TUM, DEM, NPD, MYA, PDM, MPR) Congélateur -20°C n°2 Congélateur I (AUT ...) Cas1 AUT [4453] <ul style="list-style-type: none"> Tir1 AUT [808] Tir2 vide [1215] Tir3 vide [1215] Tir4 vide [1215] Cas2 divers [4860] <ul style="list-style-type: none"> T1 POLA [1215] T2 [1215] T3 [1215] Tir4 [1215] Cas3 [4860] Cas4 [4860] Congélateur III (1-60 DEM TUM SEP SNP) Congélateur IV (SEP, PNP) Congélateur V (SNP, SCZ, DIA, ST) Conteneur A (SEP) Conteneur B (TUM suite) Conteneur C Conteneur D (SEP suite, SNP, TUM) conteneur E (TUM) Conteneur F (ST+, EPI, MYO) Réfrigérateur n°1 Réfrigérateur n°2 	<table> <tr> <td>Nom</td> <td>Cas1</td> <td>Alias</td> <td>AUT</td> </tr> <tr> <td>Type</td> <td colspan="3">CASIER</td> </tr> <tr> <td>Nb. de places dans l'enceinte</td> <td colspan="3">4</td> </tr> <tr> <td colspan="4">Emplacement actuel</td> </tr> <tr> <td>Adresse</td> <td colspan="3">I</td> </tr> <tr> <td>Position</td> <td colspan="3">1</td> </tr> <tr> <td>Nom *</td> <td colspan="3"><input type="text" value="Cas1"/></td> </tr> <tr> <td colspan="4">Emplacement de destination</td> </tr> <tr> <td>Adresse</td> <td colspan="3">I</td> </tr> <tr> <td>Position</td> <td colspan="3">2</td> </tr> <tr> <td>Contenu actuel</td> <td colspan="3">Cas2</td> </tr> <tr> <td>Nom *</td> <td colspan="3"><input type="text" value="Cas2"/></td> </tr> </table>	Nom	Cas1	Alias	AUT	Type	CASIER			Nb. de places dans l'enceinte	4			Emplacement actuel				Adresse	I			Position	1			Nom *	<input type="text" value="Cas1"/>			Emplacement de destination				Adresse	I			Position	2			Contenu actuel	Cas2			Nom *	<input type="text" value="Cas2"/>		
Nom	Cas1	Alias	AUT																																														
Type	CASIER																																																
Nb. de places dans l'enceinte	4																																																
Emplacement actuel																																																	
Adresse	I																																																
Position	1																																																
Nom *	<input type="text" value="Cas1"/>																																																
Emplacement de destination																																																	
Adresse	I																																																
Position	2																																																
Contenu actuel	Cas2																																																
Nom *	<input type="text" value="Cas2"/>																																																

Imprimer étiquette(s) Valider Annuler


❖ Cliquez sur «  Valider » pour réaliser le déplacement.

4.7.7. Modifier ou supprimer un conteneur :

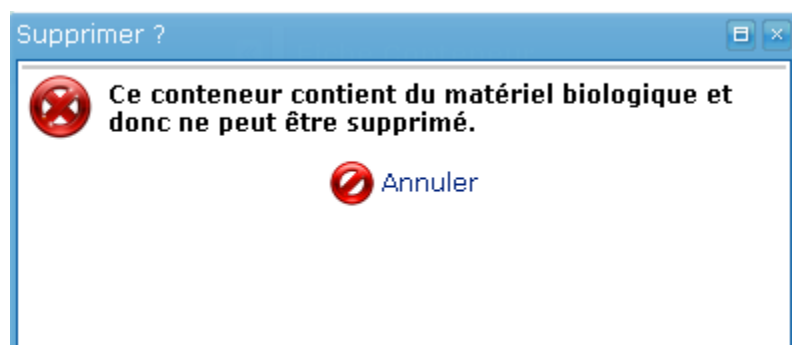
❖ Cliquez sur le nom du conteneur dans l'onglet « Stockage ».

❖ Cliquez sur «  Modifier » pour modifier un conteneur.

❖ Une fois les modifications réalisées, cliquez sur «  Valider » pour enregistrer les modifications.

❖ Cliquez sur «  Supprimer » pour supprimer un conteneur.

Attention : Si le conteneur est utilisé dans la base, le message suivant s'affichera :





La suppression sera impossible.

4.8. Menu recherche :

- ❖ Cliquez sur l'onglet « Recherche » pour accéder au menu.

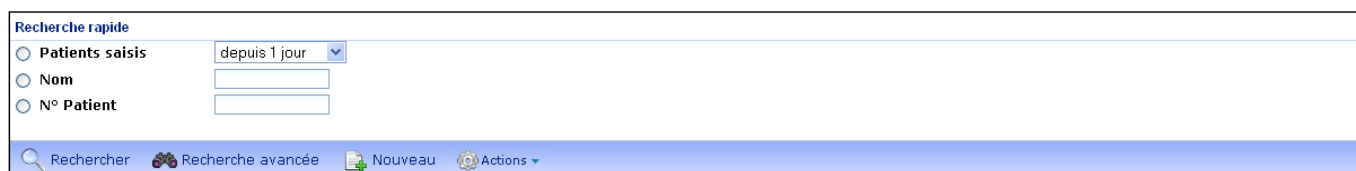
5. Les interfaces de recherche de TumoroteK :

L'application TumoroteK possède trois interfaces de recherche :

- ❖ Deux dans les onglets Patient/Prélèvement/Echantillon/Dérivé/Cession :
 - La recherche rapide : 
 - La recherche avancée : 
- ❖ Une interface de requêtes multiples dans l'onglet « Recherche »:

5.1. Recherche rapide :




- ❖ Un lien de recherche rapide est présent en bas des pages de chaque un des menus Patient/Prélèvement/Echantillon/Dérivé/Cession.
- ❖ Ce lien permet de retrouver facilement une information en remplissant le formulaire.
- ❖ Ci-dessous un exemple de l'onglet de recherche rapide du menu patient.




- ❖ Complétez les informations.

Menu	Champ de saisie	Description	Valeur
Patient	Patients saisis	Recherche des patients en fonction de la date de saisie	Depuis 1 jour Depuis 10 jours Depuis 30 jours Les 30 derniers
	Nom	Nom du patient	Texte
	N° Patient	N° du patient recherché	Alphanumérique
Prélèvement	Prélèvement saisis	Recherche des prélèvements en fonction de la date de saisie	Depuis 1 jour Depuis 10 jours Depuis 30 jours Les 30 derniers
	Code ou N° de laboratoire	Code du prélèvement ou numéro du laboratoire	Alphanumérique
	Patient	Patient recherché	Texte
Echantillon	Echantillons saisis	Recherche des échantillons en fonction de la date de saisie	Depuis 1 jour Depuis 10 jours Depuis 30 jours Les 30 derniers
	Code échantillon	Code de l'échantillon	Alphanumérique
	Patient	Patient recherché	Texte
Dérivé	Dérivés saisis	Recherche des dérivés en fonction de la date de saisie	Depuis 1 jour Depuis 10 jours Depuis 30 jours Les 30 derniers
	Code	Code du dérivé	Alphanumérique
	Patient	Patient recherché	Texte

Cession	Cessions saisis	Recherche des cessions en fonction de la date de saisie	Depuis 1 jour Depuis 10 jours Depuis 30 jours Les 30 derniers
	Numéro	Numéro de la cession	Alphanumérique
	Statut	Statut de la cession	Thésaurus

- ❖ Sélectionnez un des trois paramètres en cliquant sur «  » qui passe au vert : «  ».
- ❖ Cliquez sur «  Rechercher ».
- ❖ Les informations correspondantes à la recherche sont affichées sur la page.

5.2. Recherche avancée (correspond à la Recherche de la version 1)

- ❖ Cliquez sur «  Recherche avancée », en bas de la page du menu.
- ❖ Exemple de page de recherche patient :

Recherche des patients

Rechercher uniquement les patients ayant des prélèvements dans la collection courante ☒

☒ Informations patient

N° Patient N° de dossier patient
 Nom usuel Nom patronymique
 Prénom
 Date de naissance = Et Sexe ☐ F ☐ M ☐ Ind
 Médecins référents

☒ Informations maladie

Libellé Code diagnostic
 Date de début = Et Date du diagnostic = Et

☒ Informations prélèvement

Code prélèvement Nature
 Date de prélèvement = Et Statut juridique
 Etablissement préleveur
 Service préleveur
 N° Laboratoire

☒ Informations échantillon

Code échantillon Type d'échantillon
 Quantité = Délai de congélation = min
 Code lésionnel
 Organe
 Qualité Statut
 Mode de préparation

☒ Informations produit dérivé

Code du dérivé Type
 Qualité Statut
 Volume = Quantité =

☒ Annotations patients

INCa-Patient

055 : Données cliniques disponibles dans une base
 056 : Inclusion dans un protocole thérapeutique
 057 : Nom du protocole thérapeutique
 058 : Caryotype
 059 : Anomalie éventuelle
 060 : Anomalie génomique
 061 : Description anomalie génomique
 076 : Cause du décès

AP_TUM


01 - Protocole
 05 : Etat du patient
 06 : Date de l'état
 07 : Diagnostic principal (code CIM10)
 37 : Données cliniques disponibles dans une base (GULPER)
 Date de mise à jour des annotations
 ID mise à jour

Historique annotations

- ❖ Complétez les informations. Il faut ajouter aux informations suivantes l'ensemble des tables d'annotations de chaque un des menus qui utilise la recherche avancée.

Menu	Champ de saisie	Description	Valeur
Patient, Prélèvement, Echantillon, Dérivé	N° Patient	Numéro d'identification unique du patient	Texte
	N° de dossier patient	Numéro du dossier du patient	Texte
	Nom usuel	Nom usuel du patient	Texte
	Nom patronymique	Nom de naissance du patient	Texte
	Prénom	Prénom du patient	Texte
	Date de naissance	Date de naissance du patient	Date au format JJ/MM/AAAA
	Sexe	Sexe du patient	Case cochée : F M Ind
	Médecins référents	Médecins référents du patient	Thésaurus
	Libellé	Libellé de la maladie du patient	Texte
	Code diagnostic	Code diagnostic de la maladie	Texte
	Date de début	Date de début de la maladie	Date au format JJ/MM/AAAA
	Date du diagnostic	Date du diagnostic de la maladie	Date au format JJ/MM/AAAA
	Code prélèvement	Code du prélèvement	Texte
	Nature	Nature du prélèvement	Thésaurus
	Date de prélèvement	Date du prélèvement	Date au format JJ/MM/AAAA
	Statut juridique	Statut juridique du consentement	Thésaurus
	Etablissement préleveur	Etablissement où le patient a été prélevé	Thésaurus
	Service préleveur	Service où le patient a été prélevé	Thésaurus
	N° Laboratoire	N° du laboratoire	Texte
	Code échantillon	Code de l'échantillon	Texte
	Type d'échantillon	Type d'échantillon	Thésaurus
	Quantité	Quantité dans l'échantillon	Texte
	Délai de congélation	Délai de congélation de l'échantillon	Texte
	Code lésionnel	Code lésionnel de l'échantillon	Texte
	Organe	Organe composant l'échantillon	Texte
	Qualité	Qualité de l'échantillon	Thésaurus
	Statut	Statut de l'échantillon	Thésaurus
	Mode de préparation	Mode de préparation de l'échantillon	Thésaurus
	Code du dérivé	Code du produit dérivé	Texte
	Type	Type de produit dérivé	Thésaurus
	Qualité	Qualité du produit dérivé	Thésaurus
	Statut	Statut du produit dérivé	Thésaurus
	Volume	Volume du produit dérivé	Texte
	Quantité	Quantité de produit dérivé	Texte

Cession	N° de cession	Numéro de la cession	Alphanumérique
	Statut	Statut de la cession	Thésaurus
	Type	Type de cession	Thésaurus
	Date de cession	Date de la cession	Date au format JJ/MM/AAAA
	Demandeur	Demandeur de la cession	Thésaurus
	Contrat	Contrat de la cession	Thésaurus
	Examen	Examen	Thésaurus
	Motifs de destruction	Motifs de destruction	Thésaurus
	Titre de l'étude	Titre de l'étude	Texte
	Description	Description de l'étude	Texte
	Observation	Observation	Texte

- ❖ Cliquez sur «  Rechercher ». Le résultat de la recherche s'affiche sur la page du menu.
- ❖ Pour exporter les résultats d'une recherche, reportez-vous au paragraphe 6.2 de ce manuel

Remarques :

- Pour recherche sur une partie d'un mot, utiliser les %.
- Il n'est pas possible de rechercher des objets avec un critère d'annotation d'un autre objet (par exemple rechercher des prélèvements avec une annotation patient). Pour cela, il faut utiliser la recherche multicritère (onglet recherche).

5.3. Recherche multicritère (Onglet Recherche) (**Nouveauté V2**):

5.3.1. Description

Le module de recherche complexe de TumoroteK contient tous les outils permettant la construction de requêtes basées sur la définition de plusieurs critères. La définition de ces critères permettra de filtrer les résultats de manière beaucoup plus précise qu'avec les recherches accessibles sur les onglets Prélèvement, Echantillon...

Ce module se trouve sur l'onglet "Recherche" de l'interface. Seuls les utilisateurs ayant des droits sur la recherche (à définir dans l'onglet "Administration/Profil") pourront y accéder.

Liste des modèles de recherche			Fiche d'un modèle de recherche
Intitulé	Affichage	Requête	
Liste des prélèvements par protocole	Liste prélèvements	prélèvement par protocole	Intitulé
Liste des prélèvements par protocole et NMO	Liste prélèvements	par protocole et NMO	Affichage
Liste des prélèvements ss code lésionnel	Liste prélèvements	code lésionnel	Requête
TEST	Liste prélèvements	par protocole et NMO	

Cet onglet est divisé en quatre parties :

- ① l'Affichage, qui permet de choisir quelles informations seront affichées pour les résultats.
- ② la Requête, pour définir les critères de recherche.
- ③ la Recherche, qui pourra être exécutée par la suite.
- ④ l'Exécution d'une recherche, avec la possibilité d'exporter les résultats.

5.3.2. L'Affichage

L'onglet "Affichage(s)" permet de définir les informations à afficher lors du rendu des résultats. Un même affichage pourra être utilisé dans plusieurs recherches : afficher les données des prélèvements d'un certain type pour une première recherche et afficher ces mêmes informations en fonction d'autres critères pour une deuxième recherche.

- ❖ Cliquer sur « Affichage(s) » pour dérouler le menu
- ❖ Cliquer sur « Nouveau»
- ❖ Saisir le nom de l'affichage *
- ❖ Saisir le nombre de lignes par page qui seront affichées lors du rendu des résultats après l'exécution de la requête : case Nb de lignes/page *
- ❖ Cliquer sur « Ajouter des colonnes » présent en bas de page
- ❖ Dérouler les entités désirées (pour afficher les données des patients par exemple)
- ❖ Sélectionner les champs (nom du patient, code du prélèvement...).
- ❖ Cliquer sur « Sélectionner ».

Il est possible d'afficher des informations pour des entités différentes : afficher le nom du patient, le code et le type de ses prélèvements et le statut des échantillons.

Un Affichage n'est associé qu'à une seule collection. Tous les Affichages définis pour la collection courante sont donc présentés dans le tableau « Liste des modèles d'affichage ». Leur fiche détaillée est accessible en cliquant sur leur nom.

5.3.3. La requête


L'onglet "Requête" permet de définir les différents critères qui constitueront une recherche. Une même requête peut être utilisée dans plusieurs recherches : rechercher des prélèvements en fonction de différents critères mais afficher les résultats de différentes manières grâce à la partie Affichage.

- ❖ Cliquer sur « Requête(s) » pour dérouler le menu
- ❖ Cliquer sur « Nouveau»
- ❖ Saisir le nom de la requête *
- ❖ Cliquer sur « Ajouter un critère »
- ❖ Sélectionner l'entité sur laquelle va porter le critère dans la liste (Patient, Prélèvement...)
- ❖ Sélectionner le champ sur lequel va porter le critère (nom du patient, code du prélèvement...)
- ❖ Sélectionner l'opérateur (l'opérateur like, utilisé pour les champs textes, permet de réaliser une comparaison partielle pour ce critère)
- ❖ Cliquer sur « Enregistrer »

Le critère sera alors ajouté à la liste des critères temporaires. Il pourra alors être associé à d'autres critères pour former la requête complexe.

La requête complexe est modélisée à partir de tous les critères définis ainsi que des relations (ET/OU) entre ces critères. Ces éléments forment un arbre de critères qui représente la requête.


Pour ajouter un critère à l'arbre, il doit être présent dans la liste des critères temporaires (voir catégorie précédente). Puis :

- ❖ Cliquer sur l'icône  du critère à ajouter à l'arbre

Si il est le premier critère de l'arbre, il sera ajouté automatiquement

Sinon, sélectionner le critère de l'arbre avec lequel il sera associé et l'opérateur d'association (ET/OU)

- ❖ Cliquer sur « Valider »

Pour supprimer un critère de l'arbre, cliquer sur  sur la ligne du critère. Il sera alors transféré dans la liste des critères temporaires.

Une requête complexe peut être constituée de critères portant sur des entités différentes (sur le nom du patient et la date du prélèvement). Il n'y a aucune limite sur le nombre de critères.

Une Requête n'est associée qu'à une seule collection. Toutes les requêtes définies pour la collection courante sont donc présentées dans le tableau « Liste des modèles de requête ». Leur fiche détaillée est accessible en cliquant sur leur nom.

5.3.4. La recherche


L'onglet "Recherche" permet de combiner une requête complexe avec les champs à afficher. Ce sont ces recherches qui pourront être exécutées par la suite.

- ❖ Cliquer sur le lien « Recherche(s) » pour dérouler le menu
- ❖ Cliquer sur « Nouveau »
- ❖ Saisir l'intitulé de la recherche *
- ❖ Sélectionner l'affichage dans la liste déroulante (contenant tous les affichages définis pour la collection courante)
- ❖ Sélectionner la requête dans la liste déroulante (contenant toutes les requêtes définies pour la collection courante)
- ❖ Cliquer sur « Enregistrer »

Une Recherche est associée à une seule collection mais est exécutable pour toutes les collections de la plateforme. Toutes les recherches définies pour la collection courante sont donc présentées dans le tableau « Liste des modèles de recherche ». Leur fiche détaillée est accessible en cliquant sur leur nom.

5.3.5. L'exécution d'une recherche

La partie "Exécution" permet de lancer une recherche définie précédemment. Une fois la recherche terminée, les résultats seront affichés sous la forme d'un tableau sur cette page.

- ❖ Cliquer sur « Exécution »
- ❖ Sélectionner la recherche à lancer dans la liste déroulante (contenant toutes les recherches définies pour la plateforme)
- ❖ Cliquer sur le lien  Lancer la recherche, une nouvelle fenêtre "Définition des valeurs des critères de la requête" va apparaître. Elle contient la modélisation de la requête complexe en affichant tous les critères définis.
- ❖ Pour chaque critère, saisir dans le champ correspondant la valeur souhaitée pour la recherche
- ❖ La recherche sera exécutée dans laquelle vous êtes connecté, Si vous souhaitez l'exécuter sur des collections supplémentaires, il faut les sélectionner.
- ❖ Cliquer sur « Lancer la recherche ».

Note : l'exécution de la recherche peut prendre plusieurs minutes en fonction de sa complexité et du volume de données retourné.

Une fois la recherche terminée, les résultats sont présentés sous forme d'un tableau dont le nombre de ligne par page correspond au nombre défini lors de la création de l'affichage. Les colonnes correspondent aux champs définis dans l'affichage. Il est possible de cacher/afficher une colonne en cliquant sur sa partie droite.

Le clic sur les champs NIP du patient, code du prélèvement, code de l'échantillon, code du produit dérivé et numéro de la cession permettent d'accéder à la fiche détaillée de l'objet par un simple clic sur la valeur.

En bas de page, cliquez sur « Exporter les résultats au format Excel » pour exporter le tableau de résultats dans un fichier Excel.

5.3.6. Exemple d'une recherche : Extraction de tous les patients de TK pour détecter les doublons

Création de l'Affichage

Afin d'alléger l'affichage, et d'accélérer l'exécution de la recherche, seuls les champs nécessaires pour la détection des doublons seront sélectionnés dans l'affichage :

Liste des colonnes du modèle d'affichage

Nom de la colonne	Champ			
N° Patient	Patient - N° Patient	▲	▼	✖
Nom usuel	Patient - Nom usuel	▲	▼	✖
Prénom	Patient - Prénom	▲	▼	✖
Sexe	Patient - Sexe	▲	▼	✖
Date de naissance	Patient - Date de naissance	▲	▼	✖

D'autres champs liés au patient peuvent être ajoutés si vous le souhaitez. En revanche, il ne faut surtout pas afficher des champs d'autres entités (comme le libellé de la maladie ou le code du prélèvement par exemple).

Création de la Requête

Le critère de recherche doit être respecté par tous les patients pour que TumoroteK puisse renvoyer leur liste complète. De nombreux choix sont possibles pour faire cela, en voici deux :

- Nous pouvons faire porter la recherche sur le nom du patient. Lors de l'exécution, il faudra donc choisir un nom qui n'est porté par aucun patient.

Modélisation de la requête

Arbre de critères	
Patient - Nom usuel != XXX	✖

- Il est également possible de faire la recherche sur la date naissance. Dans le cas suivant, il suffira de saisir une valeur dans le futur pour que tous les patients soient extraits.

Modélisation de la requête

Arbre de critères	
Patient - Date de naissance < XXX	✖

Exécution de la requête

Voici à présent des exemples de valeurs à saisir lors de l'exécution de la recherche (en utilisant les exemples de critères précédents) :

- 1 Dans le cas d'un critère sur le nom, la valeur à saisir serait « 123 » par exemple. Toute autre valeur, qui n'est pas utilisée pour les noms de famille pourrait être saisie.

Modélisation de la requête

Arbre de critères	Valeur du critère
Patient - Nom usuel != XXX	123

- 2 Dans le cas d'un critère sur la date de naissance, il suffit de saisir une date dans le futur, tous les patients seront alors retournés.

Modélisation de la requête

Arbre de critères	Valeur du critère
Patient - Date de naissance < XXX	30/11/2050 10:35 

TumoroteK pouvant stocker un très grand nombre de patients, l'exécution d'une telle requête peut prendre du temps (de 1 à plusieurs minutes). Toutefois, l'export des résultats vers un fichier Excel (qui vous permettra de travailler ultérieurement les données) sera quant à lui immédiat.

6. Les utilisations du lien « Actions » :

- ❖ Dans l'ensemble des menus et des pages de TumoroteK, un nouveau lien a été mis en place, il s'agit du lien « Actions ».
- ❖ Ce lien permet d'avoir accès à de nombreuses fonctionnalités :
 - Les modifications multiples
 - Imprimer des documents spécifiques
 - Exporter des données ou des objets
 - Accéder à l'historique
 - Ajouter un évènement de stockage
 - Ajouter des échantillons ou des dérivés à des cessions
 - Stocker des échantillons ou des dérivés
 - Imprimer des étiquettes
 - Imprimer les fiches INCa
 - Changer des prélèvements de collection
 - Changer des prélèvements de maladie

- ❖ Le tableau, ci-dessous, décrit les fonctionnalités du lien « Action » par menu :


	Patient	Prélèvement	Echantillon	Dérivé	Cession
Modifications multiples	Oui	Oui	Oui	Oui	X
Exporter	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Imprimer la fiche	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Historique	Oui	Oui	Oui	Oui	Oui
Imprimer des étiquettes	X	X	Oui	Oui	X
Stocker	X	X	Oui	Oui	X
Ajout dans une nouvelle cession	X	X	Oui	Oui	X
Ajouter un évènement de stockage	X	X	Oui	Oui	X
Changer de collection	X	Oui	X	X	X
Changer de maladie	X	Oui	X	X	X
Imprimer fiche INCa	X	X	Oui	X	X
Sorties stockages	X	X	Oui	X	X
Imprimer le bon de livraison	X	X	X	X	Oui
Exporter les échantillons	X	X	X	X	Oui

Exporter les dérivés	X	X	X	X	Oui
----------------------	---	---	---	---	-----

6.1. Modifications multiples (**Nouveauté V2**) :

Exemple pour les patients :

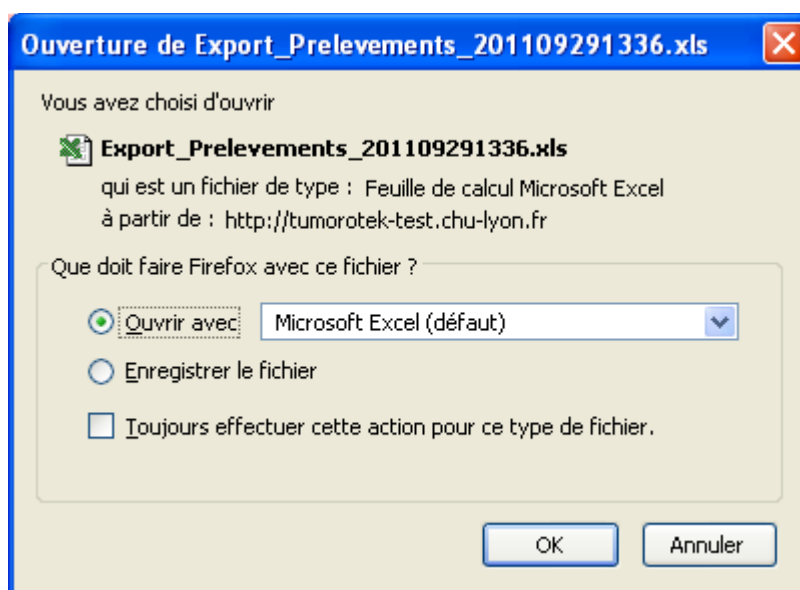
- ❖ Sélectionnez les patients à modifier en cochant les cases correspondantes dans la page patient puis cliquez sur « Actions » puis « Modifications multiples ».

- ❖ Réalisez les modifications en cliquant sur « Modification multiple » correspondant.
- ❖ Si plusieurs valeurs existent déjà, un cadenas apparaît. Pour faire la modification, déverrouiller le cadenas. Les différentes valeurs déjà saisies apparaissent
- ❖ Cliquez ensuite sur «  Valider ».

6.2. Exporter des données :

Exemple pour les patients :

- ❖ Sélectionner les patients dont vous voulez exporter les données en cliquant les cases à cocher de la colonne de gauche.
- ❖ Cliquez sur « Action » puis « Exporter ».



- ❖ Cliquez sur « OK », les données seront ouvertes dans un document Excel.

6.3. Imprimer une fiche :

Voir dans chacun des menus détaillés dans le chapitre 4 « Utilisation de TumoroteK au quotidien », la manipulation à réaliser pour imprimer une fiche.

6.4. Accéder à l'historique :

Exemple pour les prélèvements :

- ❖ Cliquez sur le code du prélèvement dont vous voulez accéder à l'historique. Cliquez ensuite sur « Action » dans la fiche du patient puis sur « Historique ».

Historique			
Actions effectuées sur le prélèvement TUM546156 :			
Utilisateur	Action effectuée	Date et heure	
dufayadmin	Creation	16/09/2011 14:53	
dufayadmin	Modification	21/09/2011 11:33	
dufayadmin	Export	29/09/2011 13:26	
dufayadmin	Export	29/09/2011 13:36	

- ❖ L'historique du prélèvement s'affiche dans un nouvelle page.

6.5. Imprimer des étiquettes :

Exemple pour les échantillons :

- ❖ Sélectionner les échantillons dont vous voulez imprimer des étiquettes pour cryotubes.
- ❖ Cliquez sur « Action » puis « Imprimer étiquette(s) ».
- ❖ Les étiquettes sont alors imprimées automatiquement.

6.6. Stocker des échantillons ou des dérivés :

Exemple pour les échantillons :

- ❖ Sélectionner les échantillons que vous voulez stocker.
- ❖ Cliquez sur « Action » puis « Stocker les échantillons ».

Liste des conteneurs

- ❖ Congél II (TUM, DEM, NPD, MYA, PDM, MPR)
- ❖ Congélateur -20°C n°2
- ❖ Congélateur III (1-60 DEM TUM SEP SNP)
- ❖ Congélateur IV (SEP, PNP, MOP)
- ❖ Congélateur V (SNP, SCZ, DIA, ST)
- ❖ Congélateur VI (AUT ...)
- ❖ Cas1 AUT [4378]
- ❖ Cas2 divers [4860]
- ❖ Cas3 [4860]
- ❖ Cas4 [4860]
- ❖ Conteneur A (SEP)
- ❖ Conteneur B (TUM suite)
- ❖ T1 TUM71-78 [58]
- ❖ TUM71 [9]
- ❖ TUM72 [11]
- ❖ TUM73 [20]
- ❖ TUM74 [3]
- ❖ TUM75 [4]
- ❖ TUM76 [2]
- ❖ TUM77 [2]
- ❖ TUM78 [7]
- ❖ T2 TUM79-86 [74]
- ❖ T3 TUM87-94 [67]
- ❖ T4 TUM49-55 [38]
- ❖ T5 TUM56-62 [31]
- ❖ T6 TUM63-70 [18]
- ❖ Conteneur C (DEM PDM SCZ NPD MYA TEM PNP)
- ❖ Conteneur D (SEP et SNP suite)
- ❖ conteneur E (TUM)
- ❖ Conteneur F (ST+, EPI, MYO, AVC)
- ❖ Réfrigérateur n°1
- ❖ Réfrigérateur n°2
- ❖ xx boîtes microtubes

Imprimer étiquette(s)

Stockage des échantillons et des produits dérivés

Sélection des emplacements de stockage :

Boîte : TUM72

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
2	3	4	5	6	7	8	9	10	
3	4	5	6	7	8	9	10		
4	5	6	7	8	9	10			
5	6	7	8	9	10				
6	7	8	9	10					
7	8	9	10						
8	9	10							
9	10								
10									


Déplacements réalisés

Sélectionner un objet : TUM546156.1

Saisir une coordonnée : Ligne 1 - Colonne 1

Code	Type	Nouvelle adresse
TUM546156.1	Echantillon	
TUM546156.2	Echantillon	

Enregistrer Annuler

- ❖ Choisissez l'endroit où vous désirez stocker vos échantillons, puis cliquez sur «  Enregistrer » pour valider le stockage.

6.7. Ajouter à une nouvelle cession :

Exemple pour les échantillons :

- ❖ Sélectionner les échantillons que vous voulez ajouter à une nouvelle cession.
- ❖ Cliquez sur « Action » puis « Ajout dans une nouvelle cession ».

Fiche Cession

N° cession * Type * Recherche

☒ Echantillons (2)

Code échantillon (par collection) : Tumeurs cérébrales

Code	Type	Patient	Statut juridique	Quantité demandée	Quantité restante	Unité	
TUM546156.1	CELLULES	TOTO JEAN	EN ATTENTE	<input type="text"/>	0.0		✖
TUM546156.2	CELLULES	TOTO JEAN	EN ATTENTE	<input type="text"/>	0.0		✖

Rajouter des échantillons par sélection multiple

- ❖ Les échantillons sont automatiquement ajoutés à une nouvelle cession. Vous devez par la suite remplir la fiche de la cession et la valider.

6.8. Changer de collection :

Voir dans le chapitre 4.3.4 « Changer un prélèvement de collection »

6.9. Imprimer la fiche INCa (Nouveauté V2) :

Voir dans le chapitre 4.4.3.2 « Imprimer la fiche INCa échantillon ».

6.10. Evènement de stockage (Nouveauté V2) :

- ❖ Cliquez sur le code de l'échantillon dont vous voulez rajouter un évènement de stockage
- ❖ Cliquez sur « Action » dans la fiche de l'échantillon puis sur « Evènement de stockage ».
- ❖ La fenêtre suivante s'ouvre :

événement de stockage

Code TUM3004.1

Date de début * 06/02/2014 18:01 Date de fin

Température * °C Stérile ☐

☐ *dégradation probable de la qualité du matériel*

Opérateur

Evts./Obs.

Sélectionner les objets associés à cet événement :

Cocher tous - Décocher tous

☒ TUM3004.1

Enregistrer Annuler




❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Date de sortie *	Date et heure de sortie de l'échantillon	Date au format JJ/MM/AAAA
Date de retour	Date et heure de retour de l'échantillon	Date au format JJ/MM/AAAA
Température *	Température de l'échantillon	Numérique
Stérile	Stérilité de l'échantillon	Case cochée ou décochée
Dégradation probable de la qualité du matériel		Case à cocher
Opérateur	Opérateur qui réalise la sortie temporaire	Collaborateurs enregistrés dans la base
Evts/Obs	Description de l'évènement	Texte

❖ Cliquez sur «  Enregistrer » pour valider la saisie.

Remarques :

- La validation de la case à cocher : *Dégradation probable du matériel* entraîne l'apparition d'un drapeau rouge dans le tableau des échantillons ou dérivés

<input type="checkbox"/>				TUM3004.1	06/12/2012 14:55	EH
--------------------------	---	---	---	-----------	------------------	----

- Si la date de retour n'est pas renseignée, le statut de l'échantillon ou du dérivé sera ; **TRAITEMENT EN COURS.**

TUM3004.1	06/12/2012 14:55	EH	Adénome hypophysaire ...	TISSU TUMORAL	67.0 / 67.0 mg	TRAITEMENT EN COURS
-----------	------------------	----	--------------------------	---------------	----------------	---------------------

Il redeviendra STOCKE lors de la saisie de la date de retour

6.11. Imprimer le bon de livraison (Nouveauté V2) :

- ❖ Cliquez sur le numéro de la cession pour laquelle vous voulez imprimer le bon de livraison.
- ❖ Cliquez sur « Action » dans la fiche de la cession puis sur « Imprimer le bon de livraison ».

Impression du bon de livraison

En-tête de la page

Pied de page

Sélectionner le destinataire

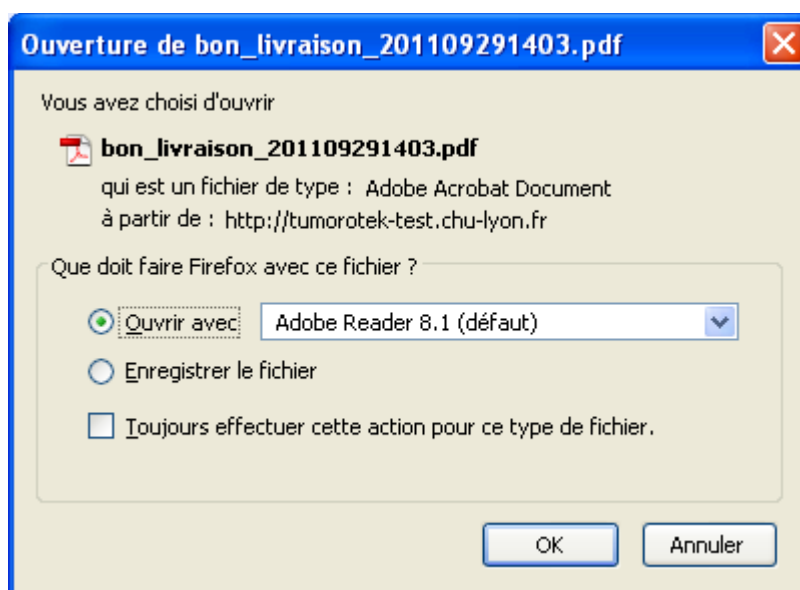
Sélectionner l'expéditeur

Imprimer

- ❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
En-tête de la page	En-tête de la page	Texte
Pied de la page	Pied de la page	Texte
Sélectionner le destinataire	Destinataire de la cession	Thésaurus
Sélectionner l'expéditeur	Expéditeur de la cession	Thésaurus

- ❖ Cliquez sur « Imprimer ».



- ❖ Cliquez sur « OK », le bon de livraison sera ouvert en format PDF.

NEUROBIOTEC

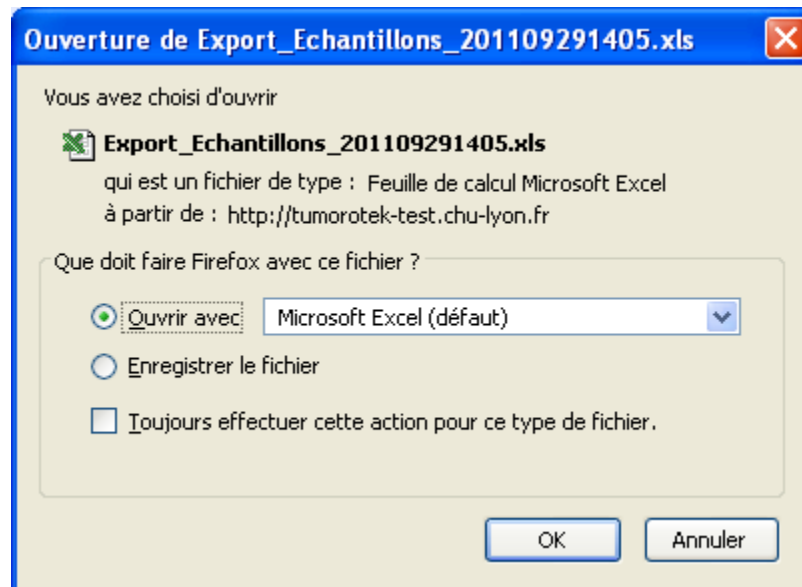
Bon de livraison du matériel biologique

Destinataire	Nom et adresse de l'organisation	69 : HÔPITAL CARDIOLOGIQUE 59, Boulevard Pinel - 69677 BRON
	Nom et titre du responsable	Dr JOUVET ANNE
	Téléphone, fax, e-mail	
Expéditeur	Nom et adresse de l'organisation	69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE 59 bd Pinel - 69677 BRON
	Nom et titre du responsable	Mme DUFAY NATHALIE
	Téléphone, fax, e-mail	
Matériel biologique	Nature	TISSU TUMORAL, TISSU SEC, ARN
	Quantité	5, 2, 4
	Date de mise à disposition	17/10/2011
	Température de transport	-196.0°C
	Transporteur	PERSONNEL BIOTHÈQUE

EXPÉDITEUR	DESTINATAIRE
Nom du responsable	Nom du responsable
Signature pour accord	Signature pour accord
Date	Date

6.12. Exporter les données des échantillons ou des dérivés d'une cession **(Nouveauté V2)** :

- ❖ Cliquez sur le numéro de la cession dont vous voulez exporter les données des échantillons ou des dérivés.
- ❖ Cliquez ensuite sur « Action » dans la fiche de la cession puis sur « Exporter les échantillons » ou « Exporter les dérivés ».



- ❖ Cliquez sur « OK », les données seront ouvertes dans un document Excel.

7. Module de codage

Le module de codifications de TumoroteK contient les codifications médicales applicables à l'activité d'une biobanque. Dans sa version 2.0, le module contient les codifications ADICAP, CIM10 et CIM-O, ainsi qu'un transcodage entre les codes ADICAP et CIMO (transcodage v2007).

L'intégration du module dans l'interface de TumoroteK permet à l'utilisateur de consulter ces codifications, de sélectionner des codes pour les attribuer aux différents champs, en appliquant ou non une transcodification automatique paramétrée par collection. Ce module propose par ailleurs aux utilisateurs la possibilité d'enregistrer des codifications personnelles et de faciliter l'utilisation régulière de certains codes sous la forme de 'favoris'.


7.1. Consulter les codes

Le module de codifications est accessible d'une part dans l'onglet Administration>Codifications pour les utilisateurs qui ont les droits d'accès à l'administration, d'autre part au travers d'un lien

 Choisir depuis codifications dans les blocs « Maladie » et « Echantillon>Informations complémentaires ».

a) Navigation libre

- choisir la codification par son intitulé dans la liste déroulante

- parcourir l'arborescence de codes dans le panneau de navigation en cliquant sur les puces [] pour afficher les codes 'enfants'.

b) Recherche

- saisir le code ou le libelle recherché


A noter : par défaut le module cherche les codes et libellés contenant la valeur saisie. Pour préciser la recherche sur les codes et libellés identiques à la valeur saisie, cocher la boîte ☐ mot entier .

- cliquer sur le bouton  Recherche

- parcourir le résultat de la recherche dans le panneau Codes trouvés.

A noter : le résultat d'une recherche affiche les codes sous la forme d'une liste ordonnée, donc détachés de leur arborescence.

- cliquer sur un code surligne la ligne en bleue et modifie automatiquement le contenu des panneaux en bas de page qui sont respectivement les détails de la sélection (panneau de gauche), les transcodes associés (panneau central) et le panier de codes pré-sélectionnés (panneau de droite).

Selection		Transcodage (1)		Codes sélectionnés(1)	
Code	N7X0	<input type="checkbox"/> M-9440/3	Glioblastome, SAI	<input type="checkbox"/> N7X0	GLIOBLASTOME (SAI) 
Libelle	GLIOBLASTOME (SAI)				




7.2. Sélectionner les codes

Lorsque le module de codifications est ouvert depuis le bouton présent au niveau des blocs « Maladie » et « Echantillon codes organes et lésionnels », les codes et leur libellés sélectionnés seront injectés dans l'interface pour pré-remplir les champs respectifs.

- naviguer ou rechercher un code dans une codification

- cliquer sur l'intitulé du code, le code apparaît dans le panneau « Codes sélectionnés » en bas à droite

- pour les codes organes et lésionnels uniquement, répéter l'opération pour sélectionner plusieurs codes, issus éventuellement de codifications différentes.

A noter: les codes sélectionnés peuvent être supprimés de la sélection en cliquant sur la croix rouge [], et ordonnés à l'aide des flèches bleues [ ].

- valider la sélection des codes en cochant la boîte à cocher du code choisi

- cliquer sur « Sélectionner », la fenêtre se ferme automatiquement et les codes et leurs libellés sont injectés dans l'interface

A noter : les champs pré-remplis avec les codes sélectionnés restent modifiables par l'utilisateur.

7.3. Créer et organiser une codification utilisateur

Le module de codifications permet de créer pour chaque collection une codification en enregistrant des codes et leurs libellés associés en les organisant à l'aide de dossier ou d'une hiérarchie arborescente. Cette codification « utilisateur » sera alors utilisable en consultation et en sélection comme les codifications enregistrées par TumoroteK.

L'organisation hiérarchique de la codification utilisateur est rendue possible par la création de dossiers contenant des codes et sous-dossiers, ainsi que par la création d' »héritage » entre deux codes.

A noter : Seuls les utilisateurs ayant des droits d'administration sur la collection ou sur la plateforme peuvent créer et modifier la codification utilisateur. Les utilisateurs n'ayant pas ses droits peuvent consulter et sélectionner les codes de cette codification.

Aller dans : Administration > Codification et choisir la codification « UTILISATEUR » dans la liste déroulante.

a) Créer un dossier à la racine

- sélectionner « Nouveau dossier » dans la liste déroulée par clic sur « Nouveau » en bas à gauche
- un dossier est qualifié obligatoirement par un nom et de manière optionnelle par un texte de description
- cliquer sur « Valider » crée le dossier à la racine de l'arborescence.

b) Créer un code à la racine

- sélectionner « Nouveau code » dans la liste déroulée par clic sur « Nouveau » en bas à gauche
- un code est qualifié obligatoirement par un code et un libelle associé à ce code
- cliquer sur « Valider » crée le code à la racine de l'arborescence.

A noter : Les attributs des codes et des dossiers peuvent être à tout moment modifiés en cliquant sur « Modifier ».

c) Créer un sous-dossier ou un code à l'intérieur d'un dossier

- cliquer sur le dossier parent, la ligne se surligne en bleue
- exécuter le point a) ou le point b) pour créer respectivement un dossier ou un code.

d) Créer un code 'enfant' héritant d'un code parent

- cliquer sur le code parent, la ligne se surligne en bleue
- exécuter le point a) pour créer un code.

A noter : Utiliser un dossier ou un héritage sont deux techniques qui permettent toutes deux de regrouper une famille de codes. Un dossier n'étant pas sélectionnable pour pré-remplir l'interface, le choix d'utiliser l'une ou l'autre de ces techniques doit se baser sur l'éventuelle nécessité de sélectionner le code à la racine de la famille.

Attention : Déplacer un code ou un dossier n'est pas possible. Il faut supprimer et recréer les codes à l'emplacement choisi.

e) Modifier ou supprimer un code ou un dossier

- cliquer sur le dossier ou le code à modifier/supprimer, la ligne se surligne en bleu,
- sélectionner « Modifier » ou « Supprimer » dans la liste déroulée par clic sur « Actions » en bas à gauche
- Appliquer les modifications en cliquant sur « Valider » ou annuler les modifications en cliquant sur « Annuler ».

Attention : Supprimer un dossier supprimera en cascade tous les dossiers et codes contenus dans le dossier. Supprimer un code parent supprimera tous les codes 'enfants' héritant de ce dernier.

A noter : Aucune suppression ni modification de codes ou de dossiers n'est possible pour les codifications pré-enregistrées par TumoroteK.

f) Ajouter un transcodage à un code

Chaque code peut, lors de sa création dans la codification personnelle, être associé à un code venant d'une autre codification enregistrée par le système. Cette fonctionnalité permet donc d'appliquer un transcodage. Par exemple, un code diagnostic propre à l'activité de la biobanque pourra avoir son équivalent transcode en CIM-10. L'ajout d'un ou plusieurs transcodes se fait lors de la création ou de la modification du code.

- sélectionner le(s) transcode(s) (voir 2), le(s) code(s) apparai(ssen)t dans le panneau « Codes sélectionnés » en bas à droite
- choisir la codification « UTILISATEUR » dans la liste déroulante

- entamer la création d'un nouveau code ou la modification un code existant (voir b, d, e), attendre avant de « Valider »
- valider la sélection de(s) transcode(s) pré-sélectionnés en cochant la « boîte à cocher » en début de ligne dans le panneau « Codes sélectionnés » en bas à droite
- ajouter le(s) transcode(s) au code en création/modification en validant cliquant sur « Ajouter au transcodage »
- valider la création/modification du code en cliquant sur « Valider ».

A noter : Les transcodes associés deviennent visibles lors de la sélection du code dans le panneau « Transcodes » ou en cliquant sur « Transcoder » dans la liste déroulée par clic sur le bouton « Actions ».

7.4. Gestion des codes « favoris »

Le module de codifications de TumoroteK version 2 permet l'enregistrement et l'organisation de références de codes utilisés de façon récurrente dans l'activité d'une biobanque sous la forme de raccourcis vers les codes 'favoris'. Cette fonctionnalité a pour objectif le gain de temps consommé par une recherche dans l'arborescence des codifications. Tous les codes peuvent être référencés dans cette liste des 'favoris', quelle que soit leur codifications d'origine, y compris la codification utilisateur.

A noter : Une référence vers un code favori est propre à **un utilisateur** dans le cadre d'**une collection** donnée. Un utilisateur de la même collection ne peut donc consulter et utiliser les codes 'favoris' d'un autre utilisateur.

Pour ajouter une ou plusieurs références vers un ou plusieurs code(s) aux 'favoris':

- sélectionner le(s) code(s) (voir 2), le(s) code(s) apparai(ssen)t dans le panneau « Codes sélectionnés » en bas à droite
- choisir la codification « FAVORIS » dans la liste déroulante
- valider la sélection de(s) code(s) pré-sélectionnés en cochant la « boîte à cocher » en début de ligne dans le panneau « Codes sélectionnés » en bas à droite
- créer la référence vers les favoris en cliquant sur le bouton « Favoris ».

A noter : L'utilisation de dossiers pour organiser les références vers les codes 'favoris' est possible. Cette fonctionnalité est identique à celle décrite au point (3) dans le cadre de l'organisation de la codification « UTILISATEUR ». En résumé, créer un dossier dans la codification « FAVORIS », sélectionner les codes dans les autres codifications et cliquer sur le dossier pour le surligner avant de créer la référence vers les favoris en cliquant sur « Favoris ».

Les codes favoris seront affichés dans la liste déroulante « Favoris » au niveau des blocs « Echantillon codes organes et lésionnels », permettant donc d'injecter dans l'interface les codes et leur libelles sélectionnés pour pré-remplir les champs respectifs.

7.5. Transcodage automatique appliqué à une collection


TumoroteK permet à la saisie des échantillons, lors de la sélection d'un code organe ou d'un code lésionnel à partir du module de codifications, de sélectionner automatiquement le(s) codes issus du transcodage. Les tables de transcodage sont celles implémentées par le système ou par l'utilisateur lors de la création de sa codification personnelle.

TumoroteK propose d'assigner une ou plusieurs codifications à chacune des collections, et si plusieurs codifications sont assignées, le transcodage se fera automatiquement lors de la sélection des codes.

Exemple : configurer une collection en lui assignant les codifications ADICAP et CIM10 entraînera une sélection automatique du code organe CIM10 issu du transcodage lors de la sélection du code organe ADICAP qualifiant l'échantillon.


A noter : Les tables de transcodage peuvent sélectionner automatiquement plusieurs transcodes à partir d'un code. Chacun des transcodes récupérés peut être supprimé de la sélection comme n'importe quel autre code.

Pour configurer un transcodage automatique au niveau d'une collection :

- dans l'onglet Administration > Collections, cliquer sur « Modifier » (ou « Nouveau ») pour afficher le formulaire de création/modification d'une collection
- dans le bloc « Codifications », cliquer sur « Assigner une codification »
- sélectionner une codification de la liste et cliquer sur 

A noter : TumoroteK permet de configurer au niveau d'une collection, et cela pour chacune des codifications qui lui sont assignées, la propriété d'un code (le code ou le libellé) qui sera affiché dans les listes et dans un tableau d'export.

- répéter l'opération précédente pour assigner une autre codification
- cliquer sur « Valider » pour valider la création/modification

A noter : une codification peut être à tout moment retirée de la liste des codifications assignées à une collection en cliquant sur  associée. Cette opération n'a aucune incidence sur tous les codes et transcodes assignés pour les échantillons préalablement enregistrés.

8. Générer des statistiques :

- ❖ Le module de statistique se trouve dans l'onglet administration. Il comporte deux types de statistique possible demandés par l'INCa (**Nouveauté V2**):
 - Bilan d'activité.
 - Recensement des prélèvements cryopréservés.

Attention, en raison des modifications apportées chaque année par l'INCa, cette fonctionnalité n'est pas à jour mais peut s'avérer utile pour renseigner une partie des données

8.1. Bilan d'activité (Statistique sur l'activité et les flux) :

- ❖ Cliquez sur l'onglet statistique, et accéder à la partie de la page s'intitulant « Activité et flux ».

Rapport d'activité générale INCa

☒ **Activité et flux**

Début

Fin

Intervalle (en jours)

Collections

- ☐ Dermatite atopique
- ☐ Hypersensibilité immédiate
- ☐ Hypersensibilité retardée
- ☐ Psoriasis
- ☐ Urticaire

1 / 8 [1 - 5 / 37]

Informations patient

- ☐ CHIRURGIE + RECHERCHE
- ☐ DECEDE
- ☐ EN ATTENTE
- ☐ RECHERCHE
- ☐ RECHERCHE + GÉNÉTIQUE
- ☐ REFUSÉ

Consentements ou non-opposition


- ☐ CHIRURGIE + RECHERCHE
- ☐ DECEDE
- ☐ EN ATTENTE
- ☐ RECHERCHE
- ☐ RECHERCHE + GÉNÉTIQUE
- ☐ REFUSÉ

Etablissements locaux (non périphériques)

- ☐ 69 : HÔPITAL NEUROLOGIQUE
- ☐ 69 : IFNL
- ☐ 69 : HÔPITAL CARDIOLOGIQUE
- ☐ 75 : INSTITUT CURIE
- ☐ 69 : CLINIQUE DU TONKIN

1 / 34 [1 - 5 / 167]

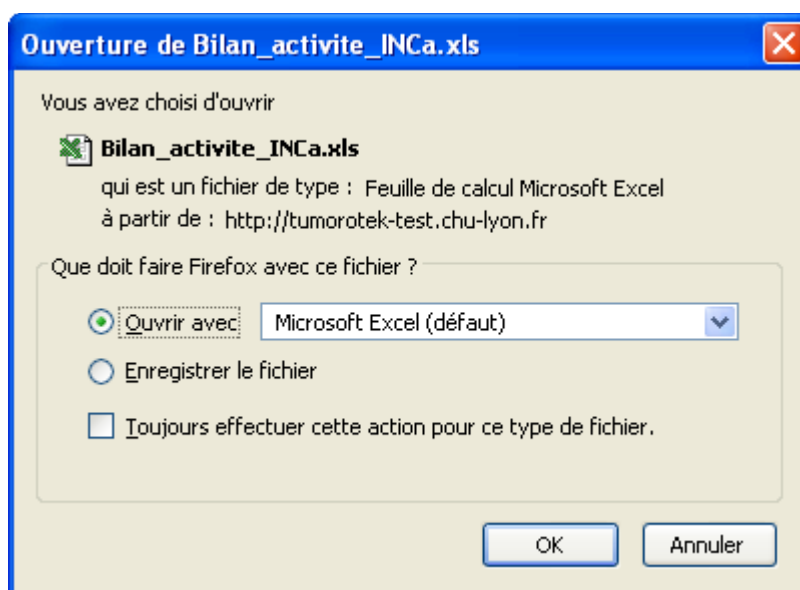
☐ utiliser la date des prélèvements pour requêter les dossiers patients enregistrés

 Générer

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Début	Date de début de la période de calcul	Date au format JJ/MM/AAAA
Fin	Date de fin de la période de calcul	Date au format JJ/MM/AAAA
Intervalle (en jours)	Intervalle des données	Numérique
Collections	Liste des collections prises en compte dans le bilan	Cases cochées ou décochées
Informations patient	Liste des champs du thesaurus « statut juridique » correspondant à une information patient	Cases cochées ou décochées
Consentements ou non-opposition	Liste Consentements ou non-opposition	Cases cochées ou décochées
Etablissements locaux (non périphérique)	Etablissements locaux (non périphérique)	Cases cochées ou décochées
Utiliser la date des prélèvements pour requêter les dossiers patients enregistrés	Utiliser la date de réalisation des prélèvements pour requêter les dossiers patients enregistrés	Case cochée ou décochée

❖ Cliquez sur « Générer ».



- ❖ Cliquez sur « OK », le bilan sera ouvert dans un document Excel.

Exemple de fichier obtenu :

	30/01/2010	01/03/2010	31/03/2010
Nombre de nouveaux dossiers patients	8	23	17
Dont dossiers provenant d'établissements périphériques	0	0	0
Total de dossiers patients cumulés	1868	1891	1908
Nombre d'informations patient			
Nombre de consentements ou non-opposition	10	41	33
Nombre échantillons qualifiés pour la recherche	93	257	179
Dont échantillons provenant d'établissements périphériques	4	0	0
Nombre d'échantillons utilisés en soins	0	0	0
Nombre d'échantillons utilisés en recherche	1	9	0
Nombre d'échantillons détruits	0	0	0
Nombre d'échantillons stockés cumulés	14080	14337	14516

8.2. Recensement des prélèvements cryoconservés :

- ❖ Cliquez sur l'onglet statistique, et accéder à la partie de la page s'intitulant « Recensement des prélèvements cryoconservés ».


Rapport d'activité générale INCa

☒ Recensement des prélèvements cryoconservés

Début

Fin

Catégorie CIM10

 Ajout codes depuis Codifications

Collections

- ☐ Dermatite atopique
- ☐ Hypersensibilité immédiate
- ☐ Hypersensibilité retardée
- ☐ Psoriasis
- ☐ Urticaire

1 / 8 [1 - 5 / 37]

Natures des prélèvements SAINS associés

- ☐ CELLULES
- ☐ ÉPANCHEMENT PLEURAL
- ☐ LBA
- ☐ LCR
- ☐ LIQUIDE D'ASCITE

1 / 3 [1 - 5 / 12]

Natures des prélèvements SANG associés

- ☐ CELLULES
- ☐ ÉPANCHEMENT PLEURAL
- ☐ LBA
- ☐ LCR
- ☐ LIQUIDE D'ASCITE

1 / 3 [1 - 5 / 12]

Consentements ou non-opposition

- ☐ CHIRURGIE + RECHERCHE
- ☐ DECEDE
- ☐ EN ATTENTE
- ☐ RECHERCHE
- ☐ RECHERCHE + GÉNÉTIQUE
- ☐ REFUSÉ

Types de échantillons SAINS associés


- ☐ CELLULES
- ☐ CELLULES DMSO
- ☐ CELLULES TRIZOL
- ☐ LCR
- ☐ LEUCOCYTES

1 / 4 [1 - 5 / 20]

Types de échantillons SANG associés

- ☐ CELLULES
- ☐ CELLULES DMSO
- ☐ CELLULES TRIZOL
- ☐ LCR
- ☐ LEUCOCYTES

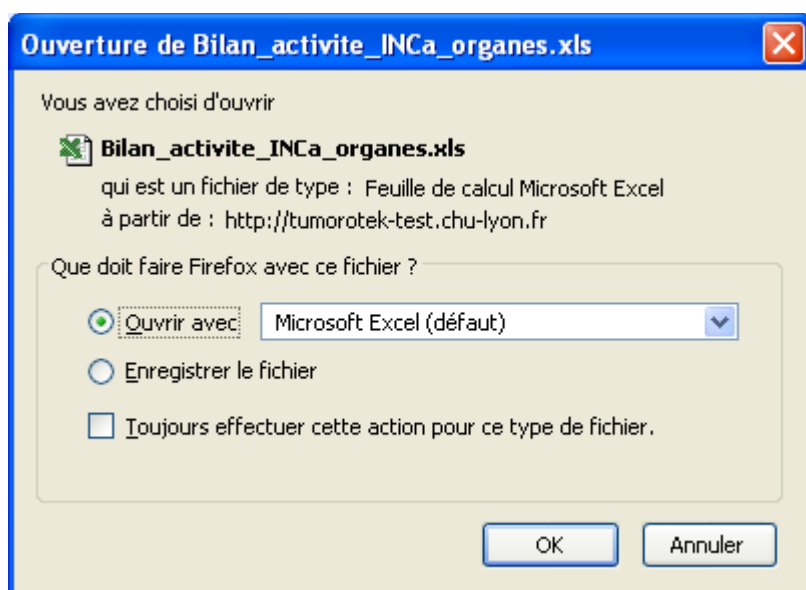
1 / 4 [1 - 5 / 20]

 Généraliser

❖ Complétez les informations.

Champ de saisie	Description	Valeur
Début	Date de début de la période de calcul	Date au format JJ/MM/AAAA
Fin	Date de fin de la période de calcul	Date au format JJ/MM/AAAA
Catégorie CIM10	Choix des codes CIM10 affichés dans le tableau	Recherche dans la liste des codes
Collections	Liste des collections prises en compte dans le bilan	Cases cochées ou décochées
Natures des prélèvements SAINS associés	Natures des prélèvements SAINS associés	Cases cochées ou décochées
Types d'échantillons SAINS associés	Types d'échantillons SAINS associés	Cases cochées ou décochées
Natures des prélèvements SANG associés	Natures des prélèvements SANG associés	Cases cochées ou décochées
Types d'échantillons SANG associés	Types d'échantillons SANG associés	Cases cochées ou décochées
Consentements ou non-opposition	Consentements ou non-opposition	Cases cochées ou décochées

❖ Cliquez sur « Généraliser ».



❖ Cliquez sur « OK », le rapport sera ouvert dans un document Excel.

Exemple de fichier obtenu :

	01/01/2012 - 01/01/2013						
	Nombre total cumulé	Nb collectés pendant la période	Tissu sain associé (%)	Sang associé (%)	Consentements ou non-opposition		
C71 tumeur maligne de l'encéphale	1613	157	0	14	73		
C70 tumeur maligne des méninges	493	75	0	1	70		
D32 tumeur bénigne des méninges	0	0	0	0	0		
D33 tumeur bénigne de l'encéphale et d'autres parties du système nerveux central	8	3	0	0	100		
D35 tumeur bénigne des glandes endocrines, autres et non précisées	42	25	0	0	80		